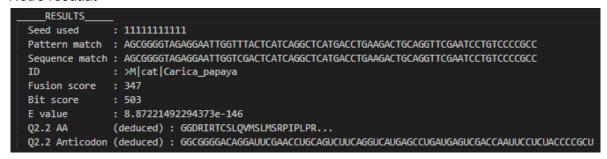
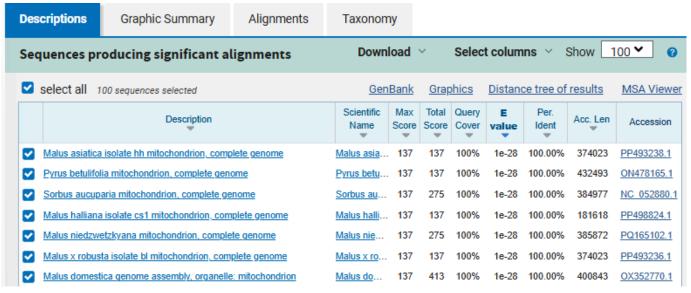
Résultat pour Séquence inconnue 1

Notre résutlat



BLAST (nucléotides):



En filtrant par organisme, on n'obtient pas de match significatif pour Carica papaya. On retrouve cependant le genre Malus qui correspond à notre séquence inconnue.

Séquence inconnue 2 :

Avec les critères de filtre par défaut, on n'obtient pas de match dans notre database. Si on utilise un seed plus flexible, on peut possiblement obtenir quelque chose:

RESULTS______

Seed used : 11100000111

Pattern match : ACATCCTTAGCTCAGTAGGATAGAGCAACAGCCTTCTAAGCTGGTGGTCACAGGTTCAAATCCTGTAGGATGT

Sequence match : ACATTCTTAGCTCAGTTGGATAGAGCAACAGGCCTTCTAAGCTGTAGGTCACAGGTTCAAATCCTGTAGAATGT

ID : >R | tct | Mesostigma_viride

Fusion score : 311

Bit score : 451

E value : 3.995690382092034e-130

Q2.2 AA (deduced) : TFYRI*TCDLQLRRPLLYPTELRM...

Q2.2 Codon (deduced) : ACAUUCUACAGGAUUUGAACCUGUGACCUACAGCUUAGAAGGCCGUUGCUCUAUCCAACUGAGCUAAGAAUGU

BLAST (nucléotides):

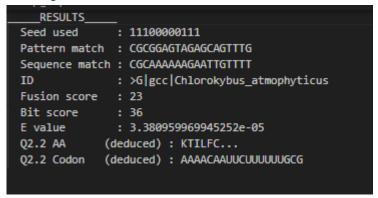
Sec	quences producing significant alignments	Downlo	oad Y		Select	column	ı s Y S	how 1	00 🕶
	select all 30 sequences selected	GenE	Bank	Graph	nics	Distance	e tree of ı	results	MSA Viewer
	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
	Nephroselmis olivacea mitochondrion, complete genome	Nephrosel	135	135	100%	4e-28	100.00%	45223	NC 008239.1
✓	Candidatus Stammera capleta isolate BHILEGBA chromosome	Candidatu	106	106	86%	3e-19	96.83%	274464	CP144850.1
	Candidatus Stammera capleta isolate ECOKPGPJ chromosome	Candidatu	106	106	86%	3e-19	96.83%	250393	CP144810.1
	Candidatus Stammera capleta isolate 1 chromosome, complete genome	Candidatu	106	106	86%	3e-19	96.83%	260485	CP043975.1
✓	Candidatus Stammera capleta isolate KMIDBMKN chromosome	Candidatu	100	100	86%	1e-17	95.24%	274655	CP144822.1
	Candidatus Stammera capleta isolate EPMLGANN chromosome	Candidatu	100	100	86%	1e-17	95.24%	274554	CP144819.1
✓	Marchantia polymorpha subsp. ruderalis Tak-1 mitochondrial DNA, co	Marchanti	99.0	99.0	97%	5e-17	91.55%	186197	AP025456.1
✓	Riccia fluitans isolate RF2 mitochondrion, complete genome	Riccia fluit	99.0	99.0	97%	5e-17	91.55%	185615	OR220799.1

Cependant, pas de résultat correspondant avec notre recherche. La recherche avec filtre Mesostigma viride ne donne pas de résultat pertinent. On retrouve cependant Nephroselmis Olivacea en premier résultat de BLAST, ce qui correspond à notre séquence inconnue.

Séquence inconnue 3:

Aussi une séquence qui ne retourne pas de match avec les critères par défaut.

En allégeant le minimum e value, on obtient :



Match de mauvaise qualité avec un mauvais score.

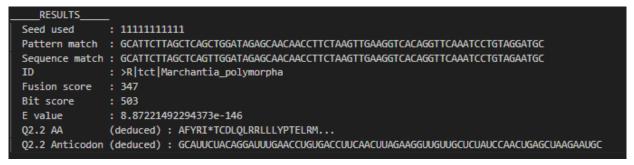
BLAST (nucléotides):

Des	criptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy							
Sec	quences pr	oducing significant a	Downlo	ad ~	S	Select o	columns	s × Sh	now 1	00 🕶	
	select all 100 sequences selected				<u>ank</u>	<u>Graphi</u>	ics D	istance	tree of re	esults	MSA Viewe
		Description		Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
	Phoenix dacty	lifera cultivar Khanezi isolate K	2 mitochondrion, complet.	Phoenix d	137	190	100%	1e-28	100.00%	715120	MH176159.1
✓	Phoenix dacty	lifera mitochondrion, complete	genome	Phoenix d	137	137	100%	1e-28	100.00%	715001	NC 016740.1
	Phoenix dacty	lifera cultivar Naghal mitochond	lrion, complete genome	Phoenix d	137	190	100%	1e-28	100.00%	715094	MH176158.1
	Coelogyne vis	cosa chloroplast, complete gen	ome	Coelogyne	124	177	100%	9e-25	98.59%	160081	OR687507.1
	Curcuma long	a chloroplast, complete genome	2	Curcuma I	124	177	100%	9e-25	98.59%	162180	MK109020.1
✓	Dendrobium c	apillipes chloroplast, complete	genome	Dendrobiu	124	177	100%	9e-25	98.59%	159400	NC 072707.1
	Ochagavia ele	gans isolate S79 plastid, comp	ete genome	Ochagavia	124	177	100%	9e-25	98.59%	158163	NC 045385.1
✓	Calla palustris	chloroplast, complete genome		Calla palus	124	177	100%	9e-25	98.59%	162794	MN046887.1
✓	Yucca brevifol	ia x Yucca jaegeriana chloropla	st, complete genome	Yucca brev	124	177	100%	9e-25	98.59%	157953	MW281814.1
	Hechtia confu	sa isolate IR2189 voucher CIC\	:Ramirez 2189 chloropla.	<u>Hechtia co</u>	124	177	100%	9e-25	98.59%	157118	NC 080292.1
	Calamus henr	yanus voucher N XT068 (IBSC) chloroplast, complete g.	Calamus h	124	124	95%	9e-25	98.59%	157536	NC 079715.1
	Gymnadenia o	crassinervis chloroplast, comple	te genome	Gymnaden	124	177	100%	9e-25	98.59%	154124	MW322684.1
✓	Chiloschista y	unnanensis voucher KUN15138	373 chloroplast, complete	Chiloschist	124	124	95%	9e-25	98.59%	143431	MZ681474.1
	Hosta jonesii i	solate NamHae chloroplast, coi	mplete genome	Hosta jonesii	124	177	100%	9e-25	98.59%	156724	MZ919311.1
	Allium rude st	rain CMS-S chloroplast, comple	te genome	Allium rude	124	177	100%	9e-25	98.59%	153697	NC 042158.1
	Musa mannii d	chloroplast, complete genome		Musa mannii	124	177	100%	9e-25	98.59%	170636	OK012348.1

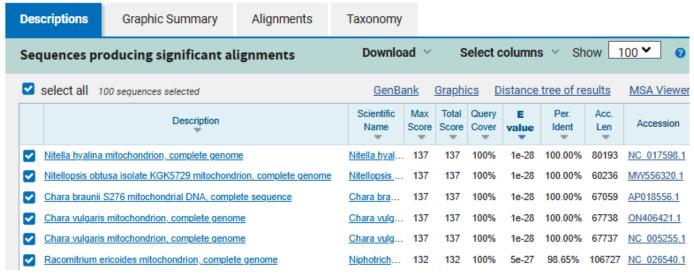
Correspond aux informations de la séquence inconnue (Phoenix dactylifera), mais pas à notre recherche.

Résultat pour Séquence inconnue 4:

Notre résultat :



BLAST (nucléotides):



Pour la séquence inconnue 4, si on filtre par espèce:

Des	criptions	Graphic Summary	Alignments	Taxonomy							
Sequences producing significant alignments Download ∨ Select columns ∨ Show 100 ♥ 0											
	✓ select all 3 sequences selected <u>GenBank</u> <u>Graphics</u> <u>Distance tree of results</u> <u>MSA Vie</u>									MSA Viewer	
		Description		Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
	Marchantia po	lymorpha subsp. ruderalis Tak-1	mitochondrial DNA, cor	m Marchantia	124	244	98%	5e-30	97.26%	186197	AP025456.1
	Marchantia po	lymorpha subsp. ruderalis strain	KBDI00084 mitochondi	rio Marchantia	124	244	98%	5e-30	97.26%	186196	MK202951.1
✓	Marchantia po	lymorpha subsp. ruderalis mitoc	hondrial DNA, complete	g Marchantia	124	244	98%	5e-30	97.26%	186196	NC 037508.1

Ce qui semble donner un match raisonnable avec notre recherche. Ne correspond cependant pas aux informations de la séquence inconnue (Chara Vulgaris)