

## Fiche technique : génomique en ligne sur le NCBI

**Objectifs** : ce site en ligne, hébergé par le NCBI (National Centre for Biotechnology Information), permet de rechercher des informations relatives au génome d'une espèce.

1. Caryotype d'une espèce
2. Longueur (= nombre de nucléotides) et gènes d'un chromosome
3. Rechercher un gène dans le génome d'une espèce
4. Afficher la séquence en nucléotides de ce gène
5. Construire un arbre phylogénétique à partir de l'ADN, pour retracer la parenté entre espèces.

### Objectif 1 : sélectionner l'espèce à étudier pour connaître son caryotype

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/>

NIH U.S. National Library of Medicine NCBI National Center for Biotechnology Information

**Genome Data Viewer**

GDV is a genome browser supporting the exploration and analysis of more than eukaryotic RefSeq genome assemblies.

Select organism  
Homo sapiens (human)

fruit fly  
yeast  
nematode  
Aedes albopictus  
human  
chimpanzee  
zebrafish  
chicken  
Plasmodium falciparum 3D7  
rat  
mouse

**Homo sapiens (human) genome**

Search in genome  
Location, gene or phenotype  
Examples: TP53, chr17:70670000-76890000, rs334, DNA repair

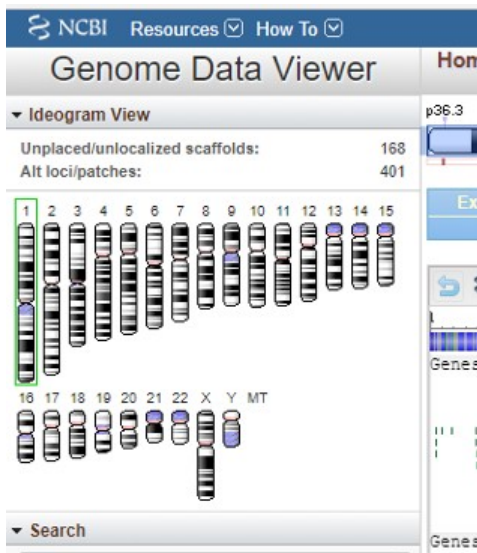
Assembly  
GRCh38.p12

Browse genome BLAST genome

Assembly details

Dans le cadre, taper le nom en anglais ou en latin de votre espèce, ici Homo sapiens.

Cliquer sur « Browse genome » afin d'afficher une nouvelle fenêtre avec le caryotype.

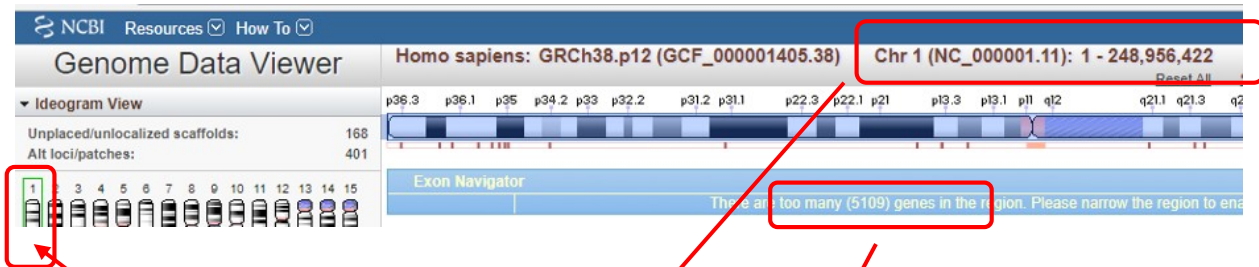


La fenêtre ci-dessous apparaît avec les chromosomes alignés du plus grand au plus petit.

!!! Pour simplifier, un seul des 2 chromosomes de chaque paire est figuré. Le nombre total de chromosomes est donc le double !!!

Le caryotype de l'Homme est donc de 46 chromosomes : 2 fois 22 + 1 chromosome X + 1 chromosome Y

## Objectif 2 : Longueur et gènes d'un chromosome



Sur le caryotype obtenu précédemment, cliquer sur le chromosome à étudier. La fenêtre ci-dessus apparaît avec les informations suivantes :

- La longueur du chromosome, c'est à dire le nombre de nucléotides, est indiquée : 248 956 422 nucléotides soit encore 250 Mbp (méga paires de nucléotides)
- Le nombre de gènes connus sur le chromosome : 5109 gènes

### Objectif 3 : rechercher un gène précis dans le génome

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>

Gene   Advanced Sign in to NCBI Help

Taper le nom du gène d'intérêt, ici l'hormone de croissance « actin » et l'espèce « Homo sapiens » ; lancer la recherche avec « search ».

Tabular ▾ 20 per page ▾ Sort by Relevance ▾

Send to: ▾

#### Search results

Items: 1 to 20 of 3061

<< First < Prev Page 1 of 154 Next > Last >>

[See also 511 discontinued or replaced items.](#)

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases	
<input type="checkbox"/> <a href="#">GSN</a> ID: 2934	gelsolin [ <i>Homo sapiens</i> (human)]	Chromosome 9, NC_000009.12 (121201483..121332844)	ADF, AGEL	
<input type="checkbox"/> <a href="#">WAS</a> ID: 7454	WASP actin nucleation promoting factor [ <i>Homo sapiens</i> (human)]	Chromosome X, NC_000023.11 (48683753..48691437)	IMD2, SCNX, THC, THC1P, WASPA, WAS	
<input type="checkbox"/> <a href="#">WASL</a> ID: 8976	WASP like actin nucleation promoting factor [ <i>Homo sapiens</i> (human)]	Chromosome 7, NC_000007.14 (123681927..123749071, complement)	N-WASP, NWASP, WASPB	
<input type="checkbox"/> <a href="#">FLNA</a> ID: 2316	filamin A [ <i>Homo sapiens</i> (human)]	Chromosome X, NC_000023.11 (154348532..154374638, complement)	ABP-280, ABPX, CSBS, CVD1, FGS2, FLN, FLN-A, FLN1, FMD, MNS, NHBP, OPD, OPD1, OPD2, XLVD, XMVD	300017
<input type="checkbox"/> <a href="#">FSCN1</a>	fascin actin-bundling protein 1	Chromosome 7.	FAN1, HSN, SNL, p55	602689

Dans la fenêtre qui s'affiche, rechercher dans la longue liste, votre gène : ici « FLNA » qui est situé sur le chromosome X.

Cliquer sur le lien et la fenêtre ci-dessous s'affiche avec TOUTES les informations du gène...

#### FLNA filamin A [*Homo sapiens* (human)]

Gene ID: 2316, updated on 12-Mar-2019

##### Summary

**Official Symbol** FLNA provided by HGNC  
**Official Full Name** filamin A provided by HGNC  
**Primary source** HGNC:HGNC:3754  
**See related** [Ensembl:ENSG00000196924](#) [MIM:300017](#)  
**Gene type** protein coding  
**RefSeq status** REVIEWED  
**Organism** [Homo sapiens](#)  
**Lineage** Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini; Catarrhini; Hominidae; Homo  
**Also known as** FLN; FMD; MNS; OPD; ABPX; CSBS; CVD1; FGS2; FLN1; NHBP; OPD1; OPD2; XLVD; XMVD; FLN-A; ABP-280  
**Summary** The protein encoded by this gene is an actin-binding protein that crosslinks actin filaments and links actin filaments to membrane glycoproteins. The encoded protein is involved in remodeling the cytoskeleton to effect changes in cell shape and migration. This protein interacts with integrins, transmembrane receptor complexes, and second messengers. Defects in this gene are a cause of several syndromes, including periventricular nodular heterotopias (PVNH1, PVNH4), otopalatodigital syndromes (OPD1, OPD2), frontometaphyseal dysplasia (FMD), Melnick-Needles syndrome (MNS), and X-linked congenital idiopathic intestinal pseudoobstruction (CIIPX). Two transcript variants encoding different isoforms have been found for this gene. [provided by RefSeq, Mar 2009]  
**Expression** Broad expression in endometrium (RPKM 345.6), esophagus (RPKM 285.0) and 22 other tissues [See more](#)  
**Orthologs** [mouse](#) [all](#)

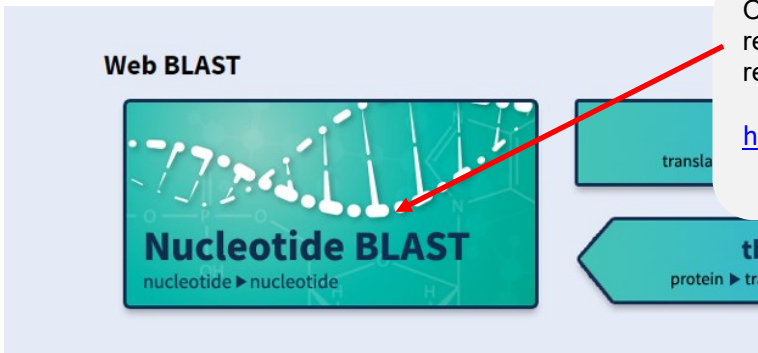
##### Table of contents

- Summary
- Genomic context
- Genomic regions, transcripts, and products
- Expression
- Bibliography
- Phenotypes
- Variation
- HIV-1 interactions
- Pathways from BioSystems
- Interactions
- General gene information
  - Markers, Clone Names, Homology, Gene Ontology
- General protein information
- NCBI Reference Sequences (RefSeq)
- Related sequences
- Additional links
  - Locus-specific Databases



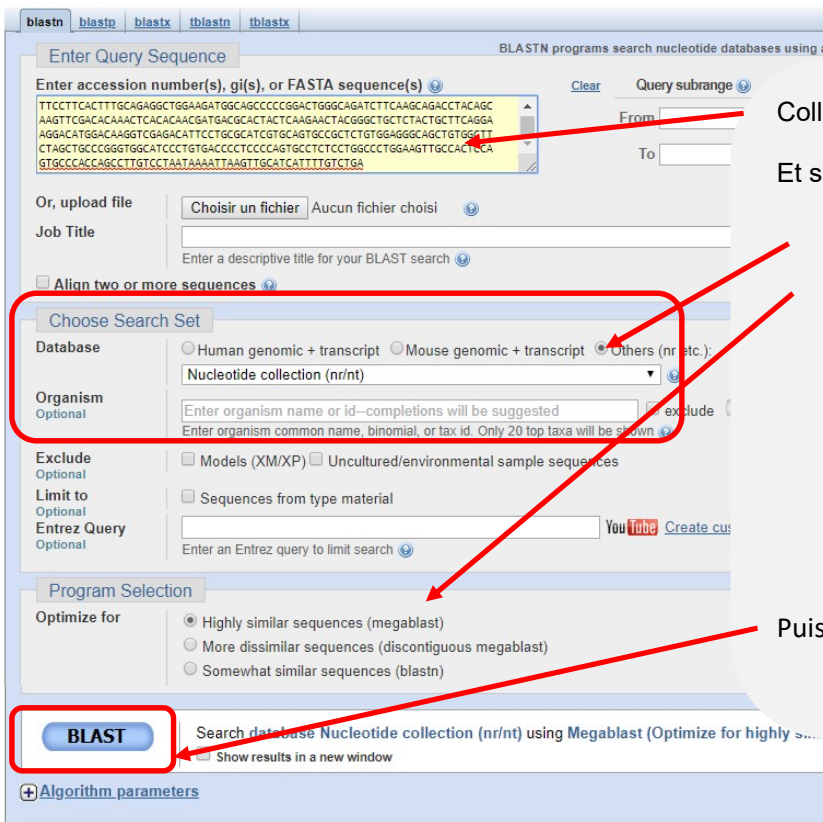
**Objectif 5 : construire un arbre phylogénétique à partir de l'ADN pour retracer la parenté entre espèces.**<sup>1</sup>

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>



Ouvrir l'outil 'BLAST' qui permet d'aller rechercher les séquences qui sont ressemblantes à celle recherchée :

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>



Coller la séquence du gène dans ce cadre

Et sélectionner les options suivantes :

- 'others'
- 'highly similar sequence'

Puis lancer la recherche via « BLAST »

<sup>1</sup> [https://www.carolina.com/teacher-resources/Interactive/video-comparing-dna-sequences/tr40201.tr?s\\_cid=em\\_tipsvideo\\_201901c&bro\\_mid=72039026&bro\\_rid=93f35dc2-3774-4190-b5f3-fb9907d46727&utm\\_source=bronto&utm\\_medium=email&utm\\_term=Image+-+Video&utm\\_content=01/17/2019&utm\\_campaign=2019+-+Jan+Wk3+-+Tips&\\_bta\\_tid=273180178221392124768423834663788903504581008996123920071421585764774191435314011696787494146099444229](https://www.carolina.com/teacher-resources/Interactive/video-comparing-dna-sequences/tr40201.tr?s_cid=em_tipsvideo_201901c&bro_mid=72039026&bro_rid=93f35dc2-3774-4190-b5f3-fb9907d46727&utm_source=bronto&utm_medium=email&utm_term=Image+-+Video&utm_content=01/17/2019&utm_campaign=2019+-+Jan+Wk3+-+Tips&_bta_tid=273180178221392124768423834663788903504581008996123920071421585764774191435314011696787494146099444229)

Alignments Download GenBank Graphics **Distance tree of results**

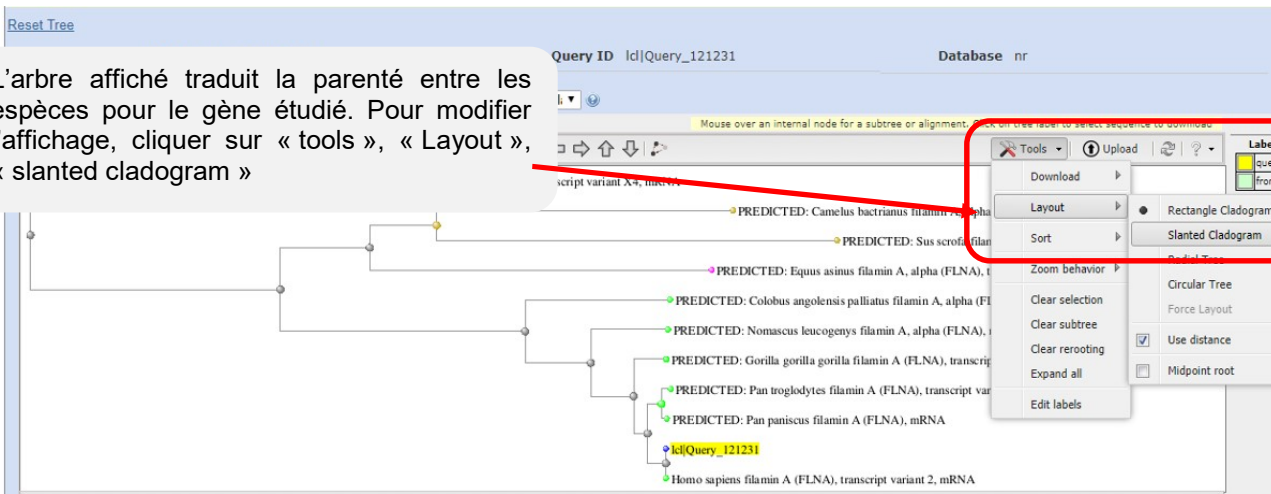
Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
Homo sapiens filamin A (FLNA), transcript variant 2, mRNA	15710	15710	100%	0.0	100.00%	U01110556.2
Homo sapiens epididym	15708	15708	99%	0.0	100.00%	U727643.1
Homo sapiens FLNA m	15464	15464	98%	0.0	100.00%	B593010.1
PREDICTED: Pan trogl	15433	15433	99%	0.0	99.42%	M_016947661.1
Human mRNA for actin	15426	15426	98%	0.0	99.94%	S3416.1
PREDICTED: Gorilla g	15313	15313	100%	0.0	99.17%	M_004065114.2
PREDICTED: Pan pani	15309	15309	98%	0.0	99.56%	M_003804718.2
Homo sapiens FLNA m	15195	15195	96%	0.0	99.95%	B371576.1
Homo sapiens FLNA m	15195	15195	96%	0.0	99.95%	B371574.1
Homo sapiens FLNA m	15195	15195	96%	0.0	99.95%	B191260.1
PREDICTED: Pongo at	15021	15021	99%	0.0	98.55%	M_024241128.1
PREDICTED: Nomascu	14807	14807	100%	0.0	98.09%	M_004092567.2
PREDICTED: Papio an	14259	14259	99%	0.0	96.93%	M_009198523.2
PREDICTED: Theropit	14229	14229	99%	0.0	96.87%	M_025371722.1
PREDICTED: Macaca n	14229	14229	99%	0.0	96.87%	M_011717786.2
PREDICTED: Cercocebu	14218	14218	99%	0.0	96.85%	M_012088299.1
PREDICTED: Macaca fascicularis filamin A (FLNA), transcript variant X1, mRNA	14212	14212	99%	0.0	96.84%	M_005594971.2
PREDICTED: Macaca mulatta filamin A, alpha (FLNA), transcript variant X1, mRNA	14190	14190	99%	0.0	96.79%	M_001091073.3
PREDICTED: Chlorocebus sabaeus filamin A, alpha (FLNA), transcript variant X1, mRNA	14168	14168	99%	0.0	96.74%	M_007993134.1
PREDICTED: Rhinopithecus roxellana filamin A, alpha (FLNA), transcript variant X1, mRNA	14120	14120	99%	0.0	96.71%	M_010364786.1
PREDICTED: Calobus angolensis palliatus filamin A, alpha (FLNA), transcript variant X3, mRNA	13004	13004	98%	0.0	96.71%	M_003804718.2

Après un délai, plus ou moins long, la fenêtre apparait avec toutes les séquences chez toutes les espèces qui sont proches de la séquence recherchée. Le % de ressemblance est indiqué dans cette colonne.

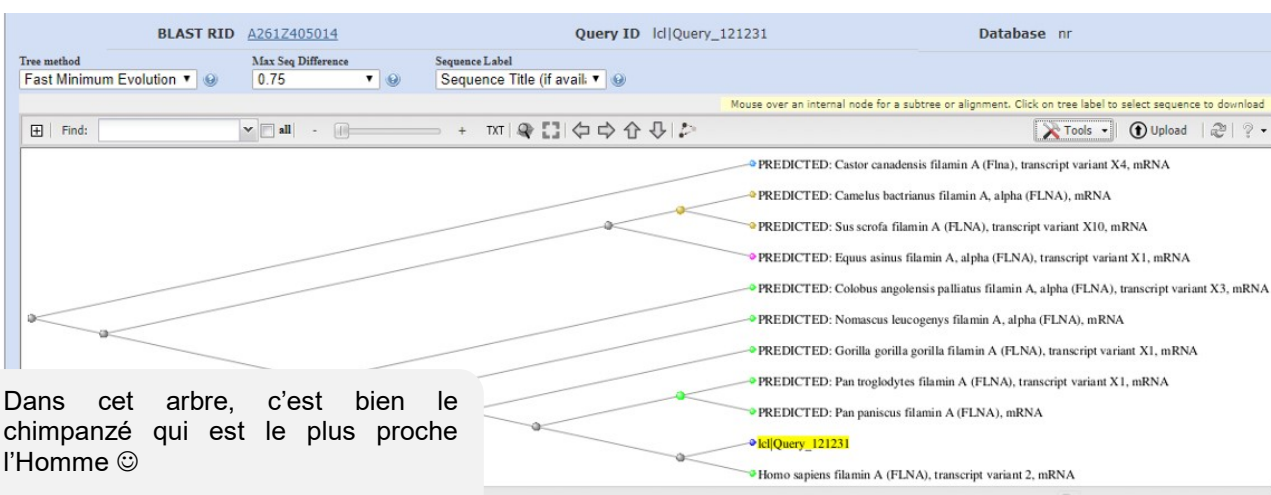
Rechercher le nom en latin des espèces.

Sélectionner les espèces de votre choix.

Puis cliquer sur « Distance tree of results » pour afficher l'arbre correspondant.



L'arbre affiché traduit la parenté entre les espèces pour le gène étudié. Pour modifier l'affichage, cliquer sur « tools », « Layout », « slanted cladogram »



Dans cet arbre, c'est bien le chimpanzé qui est le plus proche l'Homme 😊

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>  
<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>