

# أدوات ال-BLAST

## BLASTn (nucleotide blast) - مُحرك بحث

يُعد سِجَلات تسلسلات نوكلوتيديات مُشابهة لتسلسل نوكلوتيديات مُعطى (تسلسل استعمال).



أدوات ال-BLASTn، Basic Local Alignment Search Tool، تُستعمل للبحث عن تسلسلات مُتشابهة. BLASTn هو مُحرك بحث يجد في قواعد بيانات تسلسلات النوكلوتيديات سِجَلات مُشابهة لتسلسل نوكلوتيديات مُعطى. في مُحركات البحث مثل Google أو Entrez الاستعلام مُكوّن من كلمات مُفتاح، أما في مُحرك البحث BLASTn الاستعلام مُكوّن من تسلسل نوكلوتيديات. يُقارن مُحرك البحث تسلسل الاستعلام مع تسلسلات موجودة في قواعد بيانات ويعرض سِجَلات ذات تسلسل مُشابه لتسلسل الاستعلام. يُعرض تسلسل الاستعلام مُقابل تسلسل السِجَل المُشابه، موضع مُقابل موضع، في طريقة تُسمّى "تراصف تسلسلات" (Sequence Alignment - העמדת רצפים). فيما يلي عدّة حالات نستعمل فيها مُحرك البحث BLASTn لإيجاد تسلسلات نوكلوتيديات مُشابهة لتسلسل استعمال:

## BLASTp (protein blast) - مُحرك بحث

يُعد سِجَلات تسلسلات أحماض أمينية مُشابهة لتسلسل أحماض أمينية مُعطى (تسلسل استعمال).



أدوات ال-BLASTp، Basic Local Alignment Search Tool، تُستعمل للبحث عن تسلسلات مُتشابهة. BLASTp هو مُحرك بحث يجد في قواعد بيانات تسلسلات الأحماض الأمينية سِجَلات لتسلسلات مُشابهة لتسلسل أحماض أمينية مُعطى. في مُحركات البحث مثل Google أو Entrez الاستعلام مُكوّن من كلمات مُفتاح، أما في مُحرك البحث BLASTp الاستعلام مُكوّن من تسلسل أحماض أمينية. يُقارن مُحرك البحث تسلسل الاستعلام مع تسلسلات موجودة في قواعد بيانات تسلسلات الأحماض الأمينية ويعرض سِجَلات ذات تسلسل مُشابه لتسلسل الاستعلام. يُعرض تسلسل الاستعلام مُقابل تسلسل السِجَل المُشابه له، موضع مُقابل موضع في طريقة تُسمّى "تراصف تسلسلات" (Sequence Alignment - העמדת רצפים). فيما يلي عدّة حالات نستعمل فيها مُحرك البحث BLASTp لإيجاد تسلسلات أحماض أمينية مُشابهة لتسلسل الاستعلام:

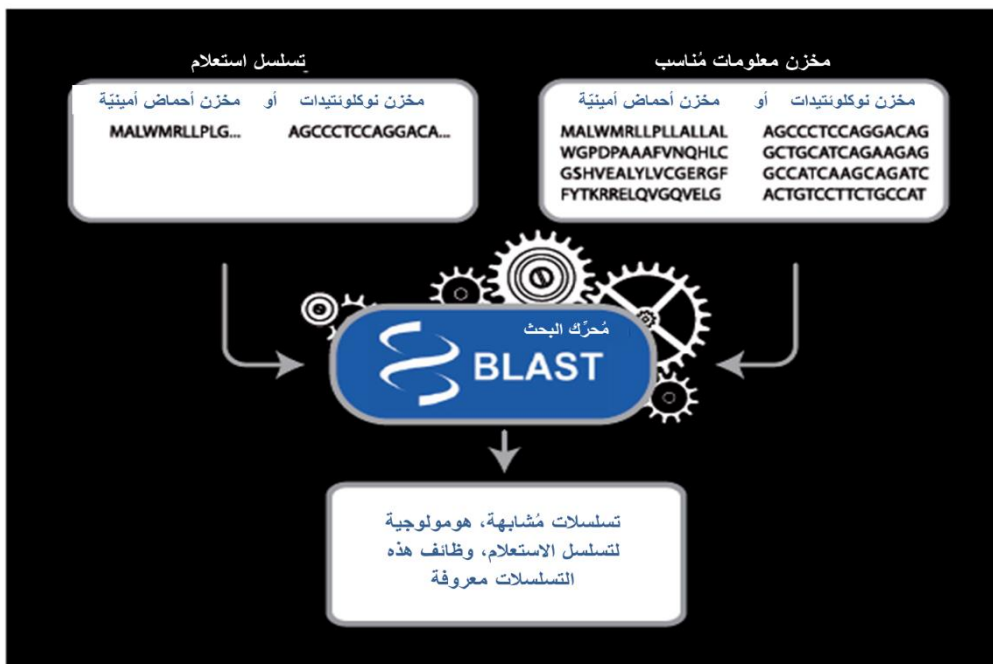
- مقارنة تسلسل بروتين لا نعرف ميناه أو فعاليته، مع قاعدة بيانات لتسلسلات من الأحماض الأمينية بإمكانها أن تكشف عن بروتينات بُحثت في الماضي وتسللها مُشابه لتسلسل الاستعلام. تشابه في التسلسل يُمكنه أن يدلّ على تشابه مُمكن في مبنى أو في فعالية البروتين.
- مقارنة تسلسل بروتين من كائن معيّن مع قواعد بيانات الأحماض الأمينية بإمكانها أن تكشف عن بروتينات هومولوجية في كائنات أخرى. مثلاً اكتشف باحث بروتين ذا فعالية إنزيمية مُعينة في بكتيريا. هل البروتين الهومولوجي موجود أيضاً في الثدييات؟ مقارنة تسلسل البروتين الموجود في البكتيريا مع تسلسلات البروتينات الموجودة في قواعد البيانات تُجيب عن هذا السؤال.

- مقارنة تسلسل جين فعاليته غير معروفة مُقابل قاعدة بيانات لتسلسلات النوكلوتيديات بإمكانها أن تعثر على جينات بُحثت في الماضي، تسلسلها مُشابه لتسلسل الاستعلام. هذا التشابه في التسلسل بإمكانه أن يدلّ على تشابه في المبنى أو في الوظيفة لنتاج هذا الجين أي في البروتين المُشفر من هذا الجين.
- مقارنة تسلسل جين من كائن معيّن مع قواعد بيانات تسلسلات النوكلوتيديات بإمكانها أن تكشف عن جينات هومولوجية موجودة في كائنات أخرى. مثلاً وجد باحث جين يسبّب الصلع لدى الفئران. هل يتواجد جين هومولوجي في الإنسان أيضاً؟ مقارنة الجين من الفأر مع تسلسلات الجينات في الجينوم البشري تُجيب عن هذا السؤال.

بإمكانك الوصول إلى الأدوات بالضغط على الرابط: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>



أهلاً بكم في الجولة الإرشادية للأداة **BLAST (Basic Local Alignment Search Tool)**، الأداة التي تستعمل مُحركات البحث عن التسلسلات. عندما نريد فحص إذا كان تسلسل مُعيّن من النوكليوتيدات هو جين مُشوّر لبروتين، أو إذا كان لتسلسل أحماض أمينية وظيفة مُعيّنة أو ما هو مصدر التسلسل (من أي كائن عُزل) – نستعين بِمُحرك البحث BLAST لتحقيق هذا الهدف. بِمُساعدة مُحرك البحث BLAST نستطيع أن نجد في قواعد البيانات تسلسلات مُشابهة، هومولوجية، لتسلسل الاستعلام الذي بحوزتنا. بسبب كون مبنى ووظيفة تسلسلات النتيجة الموجودة في قاعدة البيانات معروفة ومرتبة في سِجَلات، نستطيع أن نتعلّم منها عن مبنى ووظيفة تسلسل الاستعلام.



NCBI National Center for Biotechnology Information

Home Recent Results

### Basic Local Alignment Search Tool

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. The program compares nucleotide or protein sequences to sequence databases and calculates the statistical significance. [Learn more](#)

Web BLAST

**Nucleotide BLAST**  
nucleotide  $\rightarrow$  nucleotide

**blastx**  
translated nucleotide  $\rightarrow$  protein

**tblastn**  
protein  $\rightarrow$  translated nucleotide

**Protein BLAST**  
protein  $\rightarrow$  protein

BLAST Genomes

Human Mouse Rat Pigeon

Search

Standalone and API BLAST

Download BLAST  
Get BLAST databases and executables

Use BLAST API  
Call BLAST from your application

Use BLAST in the cloud  
Start an instance at a cloud provider

أداة للبحث عن تسلسلات نوكليوتيدات هومولوجية

أداة للبحث عن تسلسلات أحماض أمينية هومولوجية

## قائمة أدوات ال BLAST

هذه هي قائمة أدوات BLAST. في البداية نختار مُحرك البحث المُناسب: عندما يكون الاستعلام مكوّن من تسلسل نوكلوتيدات - نختار الأداة nucleotide blast؛ وعندما يكون الاستعلام تسلسلاً من الأحماض الأمينية- نختار protein blast.

لدينا في هذا المثال تسلسل استعلام من الأحماض الأمينية، لا نعرف مصدره أو البروتين الذي يُشير له. بما أنه لدينا تسلسل من الأحماض الأمينية نختار الأداة protein blast.

## واجهة الأداة protein blast (ممشك الكلّي protein blast)

هذه هي واجهة البرنامج protein blast. نقوم بتزويد نافذة البحث بتسلسل الاستعلام. الآن نختار قاعدة بيانات تسلسلات البروتينات التي نرغب بالبحث فيها. نختار قاعدة بيانات تسلسلات البروتينات swissprot، هذه القاعدة هي قاعدة بيانات موثوق بمصداقيتها وذات جودة عالية. نضغط على BLAST وننتظر عدّة ثواني.

The screenshot shows the NCBI BLAST web interface. The main heading is "BLAST Basic Local Alignment Search Tool". There are navigation links for "Home", "Rece", and "Help". The "blastp" tab is selected. The interface is divided into several sections:

- Enter Query Sequence:** A text input field for "Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s)". A yellow box with red text "نافذة تزويد تسلسل الاستعلام" (Query sequence input window) points to this field.
- Or, upload file:** A "Browse..." button for uploading a file.
- Job Title:** A text input field for a descriptive title.
- Choose Search Set:** A dropdown menu for "Database" is open, showing options like "Non-redundant protein sequences (nr)", "Reference proteins (refseq\_protein)", "Swissprot protein sequences (swissprot)", "Patented protein sequences (pat)", "Protein Data Bank proteins (pdb)", and "Environmental samples (env\_nr)". A yellow box with red text "اختيار قاعدة البيانات" (Database selection) points to this dropdown.
- Program Selection:** Radio buttons for "blastp (protein-protein BLAST)", "PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST)", and "PHI-BLAST (Pattern Hit Initiated BLAST)". "blastp" is selected.
- BLAST Button:** A blue button labeled "BLAST". A yellow box with red text "زر BLAST" (BLAST button) points to it.

At the bottom, there is a link for "Algorithm parameters".

## صفحة النتيجة: المعطيات التقنيّة والوصف البياني

تحتوي صفحة النتيجة التي حصلنا عليها في القسم العلوي على مُعطيات عن تسلسل الاستعلام، وعلى أربع علامات تبويب تضم مُقارنة تسلسلات تُشبه تسلسل الاستعلام، بحيث تقوم بعرض المُقارنة بطرق مُختلفة وبالتركيز على بارمترات مُختلفة في المُقارنة. يعرض القسم العلوي من صفحة النتيجة مُعطيات تقنيّة عن استعلام البحث تشمل: اسم التسلسل، نوع التسلسل، طول التسلسل، في أي قاعدة بيانات تمّ البحث وغيرها. كذلك بواسطة هذا القسم (في الجهة اليمنى) يُمكن إجراء تصفية (filter) للنتائج التي نحصل عليها بحسب عدّة معايير (بارمترات).

The screenshot shows the BLAST search results page for RID-968SA04B014. The page is divided into two main sections: search details on the left and filter results on the right. A yellow box highlights the search details section, and another yellow box highlights the filter results section.

**Search Details:**

Job Title	Protein Sequence
RID	968SA04B014 <small>Search expires on 04-13 22:17 pm</small> <a href="#">Download All</a>
Program	BLASTP <a href="#">Citation</a>
Database	swissprot <a href="#">See details</a>
Query ID	lcl Query_47435
Description	None
Molecule type	amino acid
Query Length	323
Other reports	<a href="#">Distance tree of results</a> <a href="#">Multiple alignment</a> <a href="#">MSA viewer</a>

**Filter Results:**

Organism only top 20 will appear  exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

[+ Add organism](#)

Percent Identity:  to

E value:  to

Query Coverage:  to

[Filter](#) [Reset](#)

**Annotations:**

مُعطيات عامة عن استعلام البحث تشمل كود تعرّف السجّل، قاعدة البيانات، نوع تسلسل الاستعلام وطوله

امكانيات تصفية التسلسلات المُشابهة

## صفحة النتيجة: وصف السجلات - Descriptions

في علامة التبويب الأولى من صفحة النتيجة، يظهر جدول يحتوي على وصف السجلات الهولوجية لتسلسل الاستعلام (الذي زودنا به الأداة). هذا الجدول يحتوي على كود تعرّف كل سجل من سجلات النتيجة و رابط ينقلنا إلى سجل النتيجة الموجود في قاعدة البيانات. يحتوي الجدول أيضًا على اسم السجل، وصف قصير له، علامة التشابه بين تسلسل النتيجة وتسلسل الاستعلام، نسبة التغطية، نسبة التطابق بين التسلسلات، وغيرها.

Descriptions		Graphic Summary	Alignments	Taxonomy	Download		Manage Columns	Show	100
Sequences producing significant alignments									
select all 49 sequences selected									
GenPept Graphics Distance tree of results Multiple alignment									
Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Penicillium chrysogenum]	626	626	100%	0.0	91.95%	P08703.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Aspergillus nidulans FGSC A4]	574	574	100%	0.0	83.28%	P05326.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Acremonium chrysogenum]	530	530	97%	0.0	77.19%	P05189.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Streptomyces jumonjinensis]	379	379	97%	7e-131	57.46%	P18286.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Amycolatopsis lactamdurans]	377	377	98%	2e-130	57.23%	P27744.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Flavobacterium sp. SC12154]	370	370	97%	2e-127	55.38%	P16020.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Lysobacter lactamgenus]	369	369	97%	4e-127	55.38%	Q48739.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Streptomyces clavuligerus]	369	369	97%	6e-127	55.38%	P10621.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Streptomyces microflavus]	366	366	97%	5e-126	56.15%	P12438.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Streptomyces griseus]	363	363	98%	5e-125	55.28%	Q54243.1			
RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Streptomyces cattleya]	283	283	97%	2e-93	46.37%	Q53932.1			
RecName: Full=Probable iron/ascorbate oxidoreductase DDB_G0283291 [Dictyostelium discoideum]	106	106	96%	6e-25	27.30%	Q54R44.1			
RecName: Full=1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase; Short=ACC oxidase; Short=Dmacc; AltName: Full=Ethylene-forming enzyme; Sho	85.9	85.9	89%	1e-17	25.71%	A68M06.1			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase DIN11; AltName: Full=Protein DARK-INDUCIBLE 11 [Arabidopsis thaliana]	72.4	72.4	100%	4e-13	25.07%	Q8H113.1			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase At3g50210 [Arabidopsis thaliana]	72.4	72.4	98%	4e-13	25.50%	Q84MB6.1			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase At3g49630 [Arabidopsis thaliana]	71.6	71.6	99%	6e-13	26.02%	F41Y03.1			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase At5g05600 [Arabidopsis thaliana]	70.1	70.1	86%	2e-12	25.26%	Q9FFF6.1			
RecName: Full=Gibberellin 20 oxidase 1-B; AltName: Full=GA 20-oxidase 1-B; AltName: Full=Gibberellin C-20 oxidase 1-B; AltName: Full=TaGa	68.9	68.9	86%	6e-12	24.91%	Q04706.1			
RecName: Full=Gibberellin 20 oxidase 1-D; AltName: Full=GA 20-oxidase 1-D; AltName: Full=Gibberellin C-20 oxidase 1-D; AltName: Full=Prote	66.2	66.2	86%	5e-11	24.91%	Q04705.1			
RecName: Full=Gibberellin 2-beta-dioxygenase 8; AltName: Full=GA 2-oxidase 8; AltName: Full=Gibberellin 2-beta-hydroxylase 8; AltName: Full	65.5	65.5	83%	8e-11	23.83%	Q49561.2			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase JRG21; AltName: Full=Protein JASMONATE-REGULATED GENE 21 [Arabidop	63.5	63.5	86%	4e-10	23.26%	Q9LY48.1			
RecName: Full=2-oxoglutarate-dependent dioxygenase imgE; AltName: Full=Imizoguin biosynthesis cluster protein E [Aspergillus flavus NRRL3]	63.5	63.5	82%	4e-10	23.31%	B8N02.1			
RecName: Full=Gibberellin 2-beta-dioxygenase 1; AltName: Full=GA 2-oxidase 1; AltName: Full=Gibberellin 2-beta-hydroxylase 1; AltName: Full	63.2	63.2	78%	5e-10	25.57%	Q8LEA2.2			
RecName: Full=Gibberellin 2-beta-dioxygenase; AltName: Full=GA 2-oxidase; AltName: Full=Gibberellin 2-beta-hydroxylase; AltName: Full=Gibt	62.8	62.8	78%	6e-10	26.14%	Q9XG83.1			
RecName: Full=1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 3 [Arabidopsis thaliana]	61.2	61.2	90%	2e-09	23.59%	Q8H1S4.1			
RecName: Full=2-oxoglutarate-dependent dioxygenase htyE; AltName: Full=L-homotyrosine biosynthetic cluster protein E [Aspergillus rugulosu]	59.7	59.7	59%	6e-09	28.64%	K0DZA0.1			
RecName: Full=Probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase At3g11800 [Arabidopsis thaliana]	59.3	59.3	86%	1e-08	24.39%	Q9SRM3.1			

التسلسل الأكثر شبهاً  
يتسلسل الاستعلام

أسماء التسلسلات المشابهة وروابط  
تنقل إلى تراصف التسلسلات

علامات  
التشابه

نسبة  
التغطية

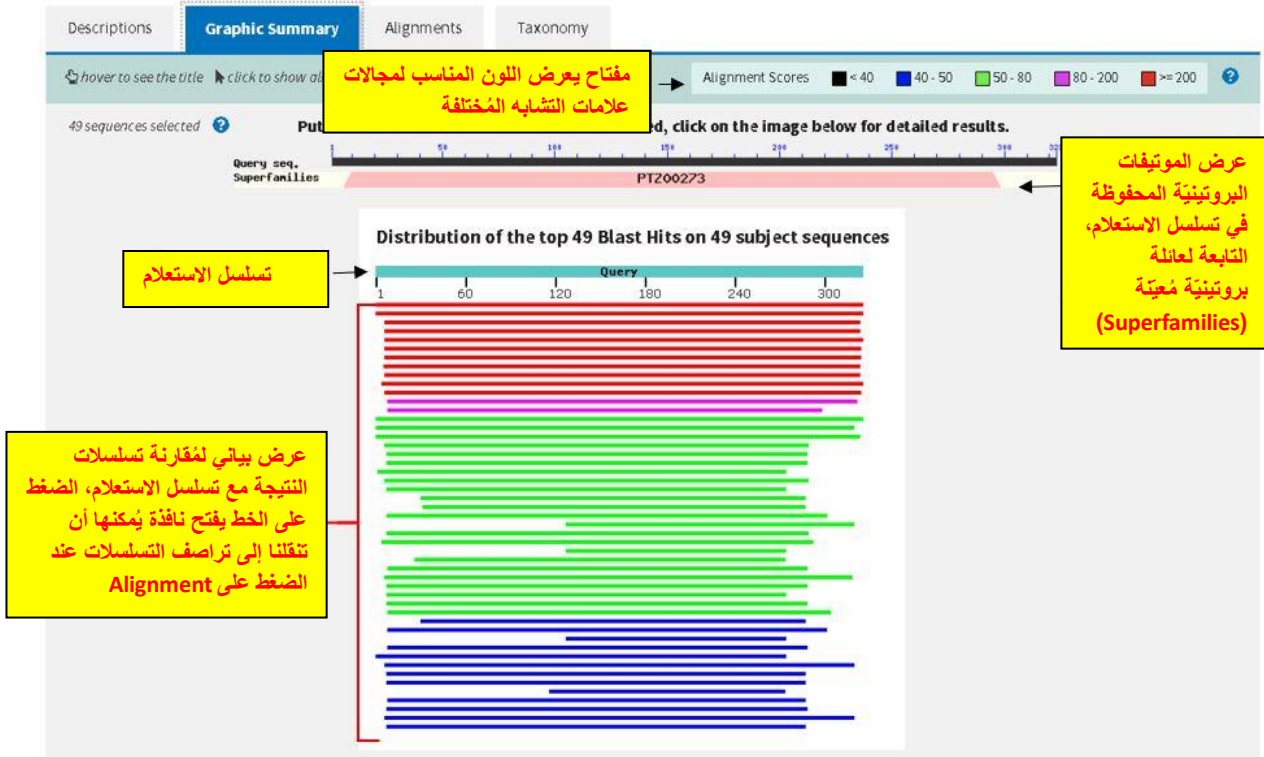
نسبة  
التطابق

كود تعرّف  
السجل و  
رابط ينقل  
إلى السجل

## صفحة النتيجة: الوصف البياني - Graphic Summary

تُسمى علامة التبويب الثانية من صفحة النتيجة بـ **Graphic Summary**. يُعرض في أعلى هذا القسم مُفتاح يحتوي على مُربعات بألوان مُختلفة بحيث يُشير اللون إلى علامة التشابه. تُعرض تحت المُفتاح مسطرة تُعبر عن طول تسلسل الاستعلام، وتُعرض أيضًا موتيفات بروتينية محفوظة (موتيبام حلوبامام شامرامام) تنتمي لعائلة بروتينية مُعيّنة (Superfamilies). تُظهر طريقة العرض هذه، إلى أي عائلة بروتينية ينتمي البروتين، وأين تتواجد الموتيفات الخاصة بهذه العائلة في هذا البروتين.

يُعرض تسلسل الاستعلام (query) في هذه الصفحة بشكل بياني كخط لونه توكيز، يظهر تحت هذا الخط شريط (مسطرة) يُعبر عن طول التسلسل ويتغير بتغير طوله. تُعرض تحت هذا الشريط التسلسلات الأكثر شبهاً بتسلسل الاستعلام والتي وُجدت في قاعدة البيانات، بحيث يتم عرضها بترتيب تنازلي بحسب مدى التشابه بين تسلسل النتيجة وبين تسلسل الاستعلام: تُعرض في البداية التسلسلات الأكثر شبهاً بتسلسل الاستعلام وتليها التسلسلات الأقل شبهاً به. يتحدّد لون كل خط بحسب مدى التشابه بين التسلسل الذي يعرضه وبين تسلسل الاستعلام، يتم حساب مدى التشابه وعرضه بعلامة التشابه score. في صفحة النتيجة الموجودة أمامنا حصلنا على تسلسل واحد ذا علامة تشابه أكبر من 200، ولذلك فإن لونه أحمر. علامة التشابه للتسلسلات التي تليه تتراوح بين 80-200 ولذلك فإن لونها زهري، وهكذا. يدلّ مكان التسلسل على طول مقياس تسلسل الاستعلام على المنطقة الموجودة في التسلسل والتي وُجد فيها التشابه (cover). إذا قُمنّا بوضع سهم الفأرة على أحد الخطوط، ستظهر تفاصيل تابعة لهذا التسلسل. الضغط على الخط يفتح نافذة يُمكن أن ننتقل من خلالها إلى تراصف التسلسلات التابع لتسلسل الاستعلام وتسلسل السجلّ عن طريق الضغط على كلمة Alignment، سنشرح عن تراصف التسلسلات لاحقاً.



## صفحة النتيجة: ترانصف التسلسلات - Alignments

تُعرض في علامة التبويب الثالثة من صفحة النتيجة المُقارنة بين التسلسلات (Alignments). يعرض السطر الأول تفاصيل السجلّ الموجود في قاعدة البيانات، بعدها تُعرض علامة التشابه في الحقل Score، يُشار في الحقل Identities إلى عدد الأحماض الأمينيّة المُتطابقة بين تسلسل الاستعلام وتسلسل النتيجة الموجود في قاعدة البيانات. في المثال الموجود أمامنا يوجد تطابق بنسبة 92%، وهي تُشكل 297 حمّاض أميني مُتطابق من بين 323 حمّاض أميني التي تكوّن التسلسل الموجود في هذه المُقارنة. في الحقل Positives يُشار إلى عدد الأحماض الأمينيّة المُتشابهة، وليس بالضرورة المُتطابقة بين تسلسل الاستعلام وتسلسل النتيجة الموجود في قاعدة البيانات. الأحماض الأمينيّة المُتشابهة هي أحماض أمينيّة ذات صفات كيميائيّة وفيزيائيّة مُتشابهة. مثلاً ليسين وأرجنين هي أحماض أمينيّة مُتشابهة لأنّ كليهما مشحون بشحنة موجبة. في الحقل Gaps يُشار إلى عدد الفراغات التي أُدخلت إلى ترانصف التسلسلات الواحد مُقابل الآخر، أي مواضع فيها مُقابل حمّاض أميني مُعيّن في أحد التسلسلين لا يوجد حمّاض أميني في التسلسل الآخر. تُعرض بعد ذلك مُقارنة التسلسلات: يُعرض في السطر العلوي تسلسل الاستعلام ويُشار إليه ب Query. أما السطر السفلي فيعرض التسلسل المُماثل الموجود في قاعدة البيانات، ويُشار له ب Sbjck. تُعرض في السطر الأوسط نتيجة المُقارنة بين التسلسلين: إذا تواجد في موضع مُعيّن نفس الحمّاض الأميني في التسلسلين، يظهر رمز هذا الحمّاض في السطر الأوسط (سطر المُقارنة). إذا كانت الأحماض الأمينيّة في موضع مُعيّن مُتشابهة ولكنها غير مُتطابقة في التسلسلين، تظهر الإشارة + في سطر المُقارنة، أما إذا كانت الأحماض الأمينيّة مُختلفة الواحد عن الآخر ولا يوجد تشابه في صفات هذه الأحماض، لا تظهر أي إشارة في سطر المُقارنة. إذا وُجد فراغ (gap) في ترانصف التسلسلات والذي يشهد على نقص حمّاض أميني في أحد التسلسلين، تتم الإشارة إلى الفراغ بالإشارة - "مكان الحمّاض الأميني الناقص".

تُعرض في بداية التسلسلات وفي آخرها أرقام المواضع في كل تسلسل. هكذا مثلاً يُمكن أن نرى أنّ الترانصف الموجود أمامنا يعرض ترانصف من الحمّاض الأميني الأول وحتى الموضع 323 في تسلسل الاستعلام (Query) وأيضاً في تسلسل النتيجة الموجود في قاعدة البيانات (Sbjck).



Descriptions Graphic Summary **Alignments** Taxonomy

Alignment view Pairwise

49 sequences selected

Download GenPept Graphics

**RecName: Full=Isopenicillin N synthase; Short=IPNS [Penicillium chrysogenum]**

Sequence ID: **P08703.1** Length: **331** Number of Sequences: **1**

Range 1: 1 to 323 GenPept Graphics

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
626 bits(1615)	0.0	Compositional matrix adjust.	297/323(92%)	308/323(95%)	0/323(0%)

تسلسل الاستعلام

تسلسل النتيجة

أمثلة على أحماض أمينية متطابقة

أمثلة على أحماض أمينية متشابهة

أمثلة على أحماض أمينية مختلفة

عدد ونسبة الأحماض الأمينية المتطابقة

عدد ونسبة الأحماض الأمينية المتشابهة

عدد ونسبة الفراغات في ترادف التسلسلات

## إجمال

تعلمنا كيف بإمكاننا أن نبحث عن تسلسلات هومولوجية لتسلسل استعلام بواسطة الأداة BLAST.

إذا كان لدينا تسلسل نوكلوتيدات – نستعمل الأداة nucleotide blast؛ أما إذا كان لدينا تسلسل من الأحماض الأمينية – نستعمل الأداة protein blast. عملية البحث، كذلك صفحة النتيجة مُتشابهتان جداً في الأدوات.

أهمية مقارنة التسلسلات في البحث البيوإنفورماتي كبيرة جداً، وتظهر استعمالها في مجالات عديدة مثل إيجاد بروتينات مُتشابهة تنتمي لنفس العائلة البروتينية، البحث في تطوّر الكائنات (مחקر ابولوزيوني) الذي يُقارن بين تسلسلات بروتينات أو جينات من كائنات مُختلفة وغيرها. هذا فقط قسم صغير من الأمثلة العديدة التي يؤدي فيها البحث ومقارنة التسلسلات بواسطة الأداة BLAST إلى تقدّم البحث البيولوجي.

أنتم مدعوون لاختبار الأداة، نتمنى أن تستمتعوا بوقتكم. بالنجاح!