

Université Batna 2

Année universitaire : 2022-2023

Faculté: SNV; Département d'Ecologie et environnement

TP 2: Les motifs protéiques et l'alignement

Activité 1 :

Objectif : Recherche de motifs protéiques en interrogeant la base de données **Prosite et **alignement****

Prosite : base de données spécialisées dans l'étude des domaines des protéines

Domaine : une région de la protéine ayant une fonction biologique propre

Motif : une petite région d'une protéine conservée et commune à tous les membres de la même famille

Exemple : Comparaison des deux séquences de protéines kinase présentes chez la drosophile (*Drosophila melanogaster*) : [sevenless.seq](#) et [tyrosine.seq](#).

Séquence 1 : format FASTA

> tyrosine - D. melanogaster

```
CvyyvcvGlSktnnrkpdksaektisqsstaraatiilvllffsrylvysvtmslmkihrngnesfcscwlllllvalllaeiaaaaaat
lsetqtnatngaireppvqlqlqqqlqlqlnataadgesnsaeifspgdvdvvgdkpptyrpsganrpsiaplnsaqdrerkl
mnvlaarrtalhrggfrtrigttgrtaispsaavestskapsdprsvcirnctknftrrttascmrqcanftrmampsngnssvllkg
sasskaaapagdrdtneilfsdeshglfvvakeqngtlnhiadgtpavmgkgipsktnsmeddveeedelkpyvyfgaklp
pirpggltikaegdddhrvlevsvaqsttpittttsttpapvsstrptastrrpltpversrskykyhmrrerglvptaappaapp
appvsrtryvgsrptaglsdsiqdlkqtesevakpvrrrvqkvspsstpliitvlsaeettvgqtealptdesttttttttekp
stttstttttvpvstskrttnaplstntpttttssttpsttttssttvtptttkansiiekdkeliralgpaltreiniddannlivcn
ntsdcgvtprtqtqpshttdsspkillrtvtlsvirstvhrprtsttttttappavtapsnevyigivesssaspadisstvianer
Inmemrrmnlvtlavlavgiplaaailyvrnfvirrakqsevfvcitdqqpispvkkvdsyqvdddedevdhqhghqhmq
hhqnhqnhqnhqhhqampmsqasqrdanhnygnnddktlasefqdfersnirklsllegnfgqvwkaeaddlsgfhg
atrivavktiracsavslkdeanimrklgshqnvvtllgacvesephmlimeyamrgrllsllraarsatnilpasvpggrslaplp
rtlagfaldiacgmeyiagrivrhdlaarnvlldhngmckicdfgmsidldaermrkeqeknaandlmrhnahkfkdfgsryil
qhwqhtfgqgqgqghcskdqphgekkshhghdhtigrhalpirwmapeslqyhmfttetdiwafgivilgstepysqlt
grevirrvpqlrpdlpkesrhefynlmsrcwhkephmrpsfaqsrlsrlhkwaddsaasdyndvsgfsedlehgvvyf
nhrisefecei
```

Séquence 2 : format FASTA

>sp|P13368|7LES_DROME Sevenless protein (EC 2.7.1.112) - Drosophila melanogaster (Fruit fly).

```
MTMFWQQNVDHQSDEQDKQAKGAAPTKRLNISFNVKIAVNVNTKMTTTHINQQAPGTSSS
SSNSQNASPSKIVVRQSSSFDLRQLRLGRQLASGQDGHGGISTILINLLLLLLLLSI
CCDVCRSHNYTVHQSEPVSKDQMRLLRPKLDSVVEKVAIWHKHAAAAAPPSIVEGIAIS
SRPQSTMAHHPDDRDRDRDPSEEQHGVDERMVLERVTRDCVQRCIVEEDLFLDEFGIQCE
KADNGEKCYKTRCTKGCAQWYRALKELSCQEACLSLQFYPYDMPCIGACEMAQRDYWHL
QRLAISHLVERTQPQLERAPRADGQSTPLTIRWAMHFPEHYLASRPFNIQYQFVDHHGEE
LDLEQEDQDASGETGSSAWFNLADYCDEYVVCEIEALIPYTQYRFRFELPFGENRDEV
LYSPATPAYQTPPEGAPISAPVIEHLMGLDSHLAVHWHPGRFTNGPIEGYRLRLSSEG
NATSEQLVPAGRGSYIFSQLQAGTNYLALSMINKQGEGPVAKGFVQTHSARNEKPAKDL
TESVLLVGRRAVMWQSLEPAGENSMIYQSEELADIAWSKREQLWLLNVHGELRSLKFE
SGQMVSPAQQLKDLGNISSGRWVPRRLSFDWLHHRLYFAMESPERNQSSFQIISTDLLG
ESAQKVGESFDLPVEQLVDALNGWIFWRNEESLWRQDLHGRMIHRLLRIRQPGWFLVQP
QHFIHLMLPQEGKFLEISYDGGFKHPLPPPSNGAGNGPASSHWQSFALLGRSLLLPD
SGQLLVEQQGAASPSASWPLKNLPDCWAVILLVPESQLTSAGGKPHSLKALLGAQAA
KISWKEPERNPYQSADAARSWSYELVDVASQSAFSIRNIRGPIFLQRLQPDNLYQLR
VRAINVDGEPGEWTEPLAARTWPLGPHRLRWASRQGSVIHTNELGEGLEVQEQQLERLPG
PMTMVNESVGYVTGDGLLHCINLVHSQWGCPISEPLQHVGSVTYDWRGGRVYWTDLARN
CVVRMDPWSGSRELLPVFEANFLALDPRQGHLYATSSQLSRHGSTPDEAVTYRVNGLE
GSIASFVLDTQDQLFWLVKGSGALRLYRAPLTAGGDSLQMIQIKGVFQAVPDSLQLLR
PLGALLWLERSGRRARLVRLAAPLDVMELPTPDQASPASALQLLDPQLPPRDEGVIPMT
VLPDSVRLDDGHWDDFHVRWQPSTSGGNHSVSYRLLLEFGQRLQTLDLSTPFARLTQLPQ
AQLQLKISITPRTAWRSGDTTRVQLTTPPVAPSQPRRLRVFVERLATALQEANVSAVLRW
DAPEQQEAPMQALEYHISCWVGSELHELRNQSALEARVEHLQPDQTYHFQVEARVAA
TGAAAGAASHALHVAPEVQAVPRVLYANAEFIGELDLTRNRRRLVHTASPVEHLVGIEG
EQRLLWVNEHVLLTHVPGSAPAKARMRAEVLALAVDWIQRIVYWAELDATAPQAAIIY
RDLCNFEGKILQGERVWSTPRGRLLKDLVALPQAQSLIWLEYEQGSPRNGSLRGRNLTD
GSELEWATVQPLIRLHAGSLEPGSETLNLVDNQGKCVYDVARQLTASALRAQLNLLGE
DSIAGQLAQDSGYLAVKNWSIRAYGRRRQQLEYTVELEPEVRLLQAHNYQAYPPKNCL
LLPSSGGSLLKATDCEEQRCLLNLPMITASEDCPLPIPGVRYQLNLTLARGPGSEEHDHG
VEPLGQWLLGAGESLNLTDLLPFTRYRVSGILSSFYQKLALPTLVLAPLLLTASATPS
PPRNFSVRVLSPREVSWLPPEQLRSESVYTLHWQQELDGENVQDRREWEAHERRLET
AGTHRLTGIKPGSGYSLWVQAHATPTKSNSSERLHVRSFAELPELQLLEGPYSLSTWA
GTPDPLGSLQLECRSSAEQLRRNVAGNHTKMVVEPLQPRTRYQCRLLGYAATPGAPLYH
GTAEVYETLGDAPSQPGKQLEHIAEEVFRVTWTAARGNGAPIALYNLEALQARSDIRRR
RRRRRRNSGGSLEQLPWAEPVVVEDQWLDFCNTTELSCIVKSLHSSRLLLFRVRARSLE
HGWGPYSESERVAEPFVSPEKRGSLVLAIIAPAIVSSCVLALVLVRKVQKRRLRAKL
LQQSRPSIWSNLSTLQTQQLMAVRNRAFSTTLSDADIALLPQINWSQLLLRFLGSGAF
GEVYEGQLKTEDSEEPQRVAIKSLRKGASEFAELLQEAQLMSNFKHENIVCLVGICFDTE
SISLIMEHMEAGDLLSYLRAARATSTQEPQPTAGLSLSELLAMCIDVANGSYLEDMHFV
HRDLACRNCLVTESTGSDRRRTVKIGDFGLARDIYKSDYYRKEGEGLLPVRWMSPESLV
DGLFTTQSDVWAFGVLCWEILTGQQPYAARNNFEVLAHVKEGGRLQQPPMCTEKLYSLL
LLCWRTDPWERPSFRRCYNTLHAISTDLRRTQMASATADTVVSCSRPEFKVRFDGQPLEE
HREHNERPEDENLTLREVPLKDKQLYANEGVSRL
```

Aller vers Prosite

Google prosite

Tous Vidéos Images Maps Actualités Plus Paramètres Outils

Environ 4 280 000 résultats (0,32 secondes)

ExpASy - PROSITE
<https://prosite.expasy.org> Traduire cette page
PROSITE consists of documentation entries describing protein domains, families and functional sites as well as associated patterns and profiles to identify them ...
 Vous avez consulté cette page 3 fois. Dernière visite : 14/04/18

ScanProsite
 This form requires to have JavaScript enabled to work ...

PROSITE user manual
 README prosuser, url to PROSITE user manual ...

PROSITE - Description
 Description. PROSITE is a database of protein families and ...
 Autres résultats sur expasy.org »

MyDomains - Image Creator
 MyDomains - Image Creator. Input form. Protein/View data. Protein ...

ProRule Description
 Description. The ProRule section of PROSITE is constituted of ...

PS00028
 Entry name [info], ZINC_FINGER_C2H2_1 ...



Database of protein domains, families and functional sites

PROSITE consists of documentation entries describing protein domains, families and functional sites as well as associated patterns and profiles to identify them [More... / References / Commercial users]. PROSITE is complemented by ProRule, a collection of rules based on profiles and patterns, which increases the discriminatory power of profiles and patterns by providing additional information about functionally and/or structurally critical amino acids [More...].

Release 2019_11 of 11-Dec-2019 contains 1846 documentation entries, 1311 patterns, 1265 profiles and 1289 ProRule.

Search

Identificateur du motif (si il est connu) : pour chercher toutes les séquences qui contiennent ce motif

e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger

- by documentation entry
- by ProRule description
- by taxonomic scope
- by number of positive hits

Quick Scan mode of ScanProsite

Quickly find matches of your protein sequences to PROSITE signatures (max. 10 sequences). [?] [Examples](#)

Enter UniProtKB accessions or identifiers or PDB identifiers or sequences in FASTA format

Séquence entière sou format FASTA (motif non connu) pour identifier les motifs conservés dans cette séquence

Scan Clear

Exclude motifs with a high probability of occurrence from the scan

Other tools

- PRATT - allows to interactively generate

Custom Images GP DOMAINS

Etape 02 : copier-coller la séquence 1 dans le deuxième cadre et scanner la séquence pour identifier les motifs conservés dans cette séquence

Search

e.g. PDOC00022, PS50089, SH3, zinc finger

Search

Quick Scan mode of ScanProsite

Quickly find matches of your protein sequences to PROSITE signatures (max. 10 sequences). [?] **Examples**

> tyrosine - D. melanogaster

```

cvvvcvglsktinnrkpdrksaektisqstaraaatiilvllfiffisrylyvasvtmslmk
ihrgnesfcscwllllllvallaeeivaaaaatlsetatnatngaireppvqlqlgqqq
lqlqlqlnataadgesrnsaeifspgdvdivvgdkpttyrpsganrpsiaplnsaqdrerk
lmnvlaarntalhrggftrigttertaispaaavestskapsdprsvcirnctknftrr
ttascmrqcanftrmampsnngssvvlkgsasskaaapagdrdtneilfsdesshglfvv
akeqngtlnhiadgktpavmgkkipstnsmeddveeedelkpyvyfgaklppirpggli
tikaaeqdddhprvlevsvaagsttpittttstppapvsstrptastrrpltpversrsky
    
```

Scan **Clear**

Exclude motifs with a high probability of occurrence from the scan

For more scanning options go to [ScanProsite](#)

Résultat global

found: 3 hits in 1 sequence

TYROSINE (1235 aa)

```

CVVVCVGLSKTINNRPDRKSAEKTISQSTARAATIZLLVLLFIFFSRYLYVASVVTMSLMK
SFCSDMLLLLLLVALLAEADVAAAAATLSEETQTNATNGAIREPPVQLQLGQQQLQLQLQ
DGESEKNSAEIFSPGDVIVGDKPTTYRPSGANRPSIAPLN SAQDRERKLNWLAARATLHRGGFR
TRIGTTRTALZPSGAAVESTSKAPSDPRSVCI RNTCTNFTTRTTASCRQCANFTRVWAPP
SVKIGS VLVKGSASSKAAAPAGDRDTNEILFSDESSHGLFVVAKEQNGT LNHIA DGTVP
AWHKGIGPDKITIS MEQDVEEEDELKPYVYFGAKLPPIRPGGLI TIKAAEQDDDHPRVLE
VSVVAGSTTPITTTSTPPAPVSTRPTASTRRPLTPVERSRYLYVWRRERLVTAPPPA
APPAPVSRTRVYVGGGRPTAGLSD SIQDLQKQTESEVAKPWARVVQKVS
PSSSTPLIITVLSAEETTVGQTEALPDESTITTTT EKPSITTTSTTTTTVPVPSK
RITTNAPLSTNTPTTTTSTTPSTTTTSSSTTVZPTTKANS IIEKDKELRALG
PALTRGINZDANLIVFCNWTSDCGVPRQTQPSHTGSEPKLRTTVLTS I
RSTVHRPPTSTTTTITAPPRAUTAPSENEVIGSEVSSASAPADISSTVLAHERDUM
IEHRR HNLVTLVAVGVZPLAAZLLVLTNIVERRRAKQSEVDFNCITQQPISPVK
VQSKQVDDDED EVOHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQHQ
KSLLEGHFGQVKAADQLSGHFGATRIIVKTRACSAQVSLKDEADIVRKLGSQV
VTLGACVESEPHLIEVYKGRLLSLLTAARSATNLPSAVPGRSLAPLSPRTLAG
FALDAGQVIEYAGRRTHRDLAARMLLDHNGNKICDFGMSI
DLDAERIRKQEQEIMADKLRHWAHAKPFGSRY ILQHQHQT
FGQSGQKSKDQPSGEKSHHROTIGRHALPZIRUWAPESLQHYHFTTETDIDAF
GVVLWEZATLGGTPYSQLTGRVZIRVPGDLRPLKESRHEFYHLVIGACIAHKEP
HRPSPAGRL EITRSLHKAADDSAAASDNDVSGFSEDLHGVVYFIHRTSEFECEI
    
```

Partie 1

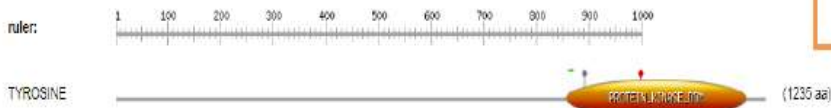
Legend:



Please note that the graphical representations of domains displayed hereafter are for illustrative purposes only, and that their colors and shapes are not intended to indicate homology or shared function. For more information about how these graphical representations are constructed, go to <https://prosite.expasy.org/mydomains/>.

hits by profiles: [1 hit (by 1 profile) on 1 sequence]

Upper case represents match positions, lower case insert positions, and the '-' symbol represents deletions relative to the matching profile.



Partie 2

Partie 1 : la séquence (1235 aa)

TYROSINE (1235 aa)

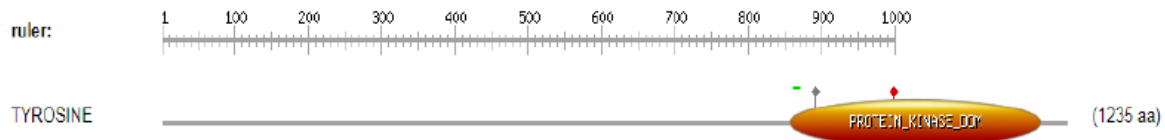
```

CVYVCVGLSKTNNRKPDRKSAEKTISQSSTARAAATIIILVLLFIFFSRYLVYASVTMSLMKIHRGNE
SFCSCWLLLLLLLLVALLAEAIVAAAAATLSETQTNATNGAIREPPVQLQLQQQLQLQLLNATAA
DGESRNSAEIFSPGDVDVVGDKPTTYRPSGANRPSIAPLNSAQDRERKLMNVLAARRTALHRGGFR
TRIGTTGRTAISPSAAVESTSKAPSDPRSVCI RNCTKNFTRRTTASCMRQCANFTRMAMP SNGNSS
VVLKGSASSKAAAPAGDRDTNEILF SDESSHGLFVVAKEQNGTLNHIADGTPAVMGKGIPSKTNS
MEDDVEEEDEELKPYVYFGAKLPPIRPGGLTIKAAEGDDHPRVLEVSVAQSTTPTITTTTSTPAP
VSSTRPTASTRRPLTPVERSRSKYKYMREGLVPTAAPPPAAPPAPPVSRTRYVGSGRPTAGLSD
SIQDLKQTESEVAKPVVRRVVKVSPSSSTPLIITVLSAEEETT VGQTEALPTDESTTTTSTTTT
EKPSTTTSTTTTTTPVPSTSKRTT TNAPLSTTNTPTTTTSSSTPSTTTTSSSTTTVIPTTTKANS
IIEKDKELIRALGPAL TREINIDDANLIVFCNNTSDCGVTPRTQTQPSHTT DSSPKILRTTVLTS
IRSTVHPRPTSTSTTTSTTTTAPPAVTAPSN EYVIGIVESSSSASPADISSTVIANERDLNMEMRR
MNLVTLVAVGVIPLAAILYLVRNFVIRRRAKQSEVFDVCITDQQPISPVKKVDSKYQVDDDED
EVDHQHHQHMQHHQHONHQNHHQHAMPMSQASQRDANHNRYGNNDKTSLASEFQDFERSNIRL
KSLLEGNGFQGVWKA EADDLSGHFGATRIVAVKTI RACSAQVSLKDEANIMRKLGSHQNVVTLGA
CVESEPHMLIMEYAMRGRLLSLLRAARSATNILPASVPGGRSLAPLSRPTLAGFALDIACGMEYIA
GRRIVHRDLAARNVLLDHNGMCKICDFGMSIDLDAERM RKEQEKNAAANDLMRHNAHKFKDFGSR Y
ILQHWQHTFGQGQGGHCSKDQPHGEKKS HHGHDITGKRHALPIRMMAPESLQYHMF TTETDIWAF
GIVLWEIATLGSTPYSQLTGREVIRRVQGLRPDLKESRHEFYNLMSRCWHKEPHMRPSFAQSRL
EITRSLHKWADDDSAASDYMDVSGFSEDL EHGVVYFNHRISEFECEI
    
```

Partie 2

hits by profiles: [1 hit (by 1 profile) on 1 sequence]

Upper case represents match positions, lower case insert positions, and the '-' symbol represents deletions relative to the matching profile.



Le domaine du kinase:
situé a la fin de la
séquence protéique

Partie 3

Le motif du domaine kinase: 862 au 870 (LGEGNFGQV)

PS50011 PROTEIN_KINASE_DOM Protein kinase domain profile :

856 - 1198: score = 38.393

```
IRLKSL LGEGNFGQV MKAEADD1SGHfgatRIVAVKTIRA---CSAQVSLKDEANIMRK
LgSHQNVVTLTGACVESEPHMLIMEYAMRGRLLSLLKARSAtnilpasvpggrslapLS
PRTLAFGALDIACGMEYIAGRRIVHRDLAARNVLLDHNGHCKICDFGMSIDLDAERMke
qeknaandlmrhnaahkfkdfgsryfzqhwahtfgagggqghfkskdqphgekkshhghdt
IGKRHALPIRWMAPESLQ-YHMFTEEDIWAFGIVLWEIAT1GSTPY-SQLTGREVIRRV
PQG-LRPDLP---KeSRHEFYNLMSRCWHKEPHMRPSFAQSRLeitfzLHKWA
```

Predicted features:

DOMAIN	856	1198	Protein kinase
NP_BIND	862	870	ATP
BINDING	891		ATP
ACT_SITE	998		Proton acceptor

K 891: aa responsable de la liaison avec l'ATP

D 998: aa clé du site actif

Séquence 2: 2554 aa

sp-P13368-7LES_DROME (2554 aa)

```
MTMFHQQNVVDHQSDQEQDKQAKGAAPT KRLNISFNVKIAVNVNTKMTTTHINQQAPGTSSSSNSQN
ASPSKIVVRQSSSFDLRQQLARLGRQLASGQDGHGGISTILINL LLL LLSICCDVCRSHNVTV
HQSPVPVSKDMRLLRPKLSDVVEKVAIWHKHAAPPSIVEGIAISSRPQSTMAHHPDDRDRDR
DPSEEQHGVDERMVLERVTRDCVQRCIVEEDLFLDFEFGIQCEKADNGEKCYKTRCTKGCAYRYRAL
KELESCQEACL SLOFYYPDMPCIGACEMAQRDYWHLQRLAISHLVERTQPQLERAPRADGQSTPLT
IRWAMHFPPEHYLASRPFNIQYQFVDHGGEE LDLEQEDQDASGETGSSAWFNLDADYDCDEYVCEIL
EALIPYTYRFRFELPFGENRDEVLYSPATPAYQTPPEGAPISAPVIEHLMGLDDSHLAVHHPGR
FTNGPIEGYRLRLSSSEGNATSEQLVPAGRGSYIFSQLQAGTNYTLALSMINKQEGEPVAKGFVOT
HSARNEKPAKDLTE SVLLVGRRAVMWQSLPAGENSMTYQSQEELADIAWSKREOQLNLLNVHGEL
RSLKFESGQMVSPAQQLKLDLGNISSGRWPRRLSFDWLHHRLYFAMESPERNQSSFQIISTDLLG
ESAQKVGESFDLPVEQLVDALNGWIFWRNEESLWRQDLHGRMIHRLLRIRQPGWFLVQPQHFIIH
LMLPQEGKFL EISYDGGFKHPLPLPPPSNGAGNGPASHWQSFALLGRSLLL PDSGQLL LVEQOQO
AASPSASWPLKNLPDCWAVILLVPE SQPLT SAGGKPHSLKALLGAQAAKISWKEPERNPYQSDAAA
RSWSYELVLDVVASQSAF SIRNIRGPIFGLQRLQPDNLYQLRVRAINVDGEPGEWTEPLAARTWPL
GPHRLRWASRQGSVZHTNELGEGLEVQOQLERLPGPMTMVNESVGYVVTGDGLLHCINLVHSQWG
CPISEPLQHVGSVTYDWRGGRRVYWTDLARNCVVRMDPWSGSR ELLPVFEANFLALDPRQGHLYYAT
SSQLSRHGSTPDEAVTYVRVNGLEGSTASFVLDTQQDQLFWLVKGSGLRLRYRAPLTAGGDSLQMI
QQIKGVFQAVPDSLQLLRPLGALLWLEERSGRRARLVRLAAPLDVME LPTPDQASPASALQLLDPQP
LPPRDEGVIPTVL PDSVRLDDGHWDDFHVRWQPS TSGGNHSVSYRLLLEFGQRLQTLDLSTPFAR
LTQLPQAQLQLKISITPRTAKRSGDTRRVQLTTPPVAPSPRRLRVFVERLATALQEANVSAVLRW
DAPEQGEAPMQALEYHISCIWVGE LHEELRLNQSAL EARVEHLQPDQTYHFQVEARVAATGAAAG
AASHALHVAVEVQAVPRVLYANA EFIGELDTRNRRLRVHTASVPEHLVGEI EGQRLLWVNEHVE
LLTHVPGSAPAKLARMRAEVLALAVDWIQRIYVWAE LDATAPOAAI IYRLDLCNFEKGILQGERVW
STPRGRLLKDLVALPQAQSLINLEYEQGSPRNGSLRGRNLDGSELEWATVQPLIRLHAGSLEPGS
ETLNLVDNQGLKCVYDVARQLCTASALRAQLNLLGEDSIAGQLAQDSGYLYAVKNWSIRAYGRRRQ
QLEYVTELEPEEVRLQLAHNYQAYPPKNCLLLPSSGGSL LKATDCEEQRCLLNLPMITASEDCPLP
IPGVRYQLNLT LARGPGSEEDHGVEPLGQWLLGAGESLNL TDLPFTYRVRVSGILSSFYQKLLAL
PTLVLAPLELLTASATPSPPRNFSVRVLSPRELEVSILPPEQLRSESVYVYTLHWQQE LDGENVQDR
REWEAHERRLETAGTHRLTGIKPGSGYSLWVQAHATPTKSNSSERLHVRSFAELPELQLLELGPYS
LSLTHAGTDPDLGSLQLECRSSAEQLRRNVAGNHTKMMVEPLQPRTRYQCRLLLGVAATPGAPLYH
GTAEVYETLGDAPSQPGKPLEHIAEEVFRVWTWAARGNGAPIALYNLEALQARSDIRRRRRRRRR
NSGGSLEQLPWAEEPVVWEDQWLDFCNTTE LSCIVKSLHSSRLL LFRVRARSLEHGHWGPYSESER
VAEPPVSPKRGSLVLAIIAPAAIVSSCVLALVLRKVQKRRLRAKLLQQSRPSIWSNLSTLQTQ
QQLMAVRNRRAFSTLLSDADIALLPQINWSQLKLLRFLGSGAFGEVYEGQLKTEDSEEPQRVATKSL
RKGASEFAELLQEAQLMSNFKHENI VCLVGICFDTE SISISLIMEHMEAGDLLSYLRAARATSTQEPQ
PTAGLSLSELLAMCIDVANGCSYLEDMHFVHRDLACRNCLVTETSGTDRRRRVKIGDFGLARDIY
KSDYYRKEGEGELPVRWMSPESLVDGLFTTQSDVWAFGVLCWEIITLGGQPYAARNNFVFLAHVKE
GGRLLQPPMCTEKLYS.LLLL CWRTPWERPFRRCYNTLHATSTDLRRTQMASATADTVVSCSRPE
FKVRFQDQPLEEHREHNERPEDENLTLREVPLKDKQLYANEGVSRL
```

02 domaines différents :

- en vert : plusieurs domaines de fibronectine
- en orange : un seul domaine de kinase à la fin de la séquence

hits by profiles: [8 hits (by 2 distinct profiles) on 1 sequence]

Upper case represents match positions, lower case insert positions, and the | symbol represents deletions relative to the matching profile.



Motif du domaine : du 2215 au 2223 (LGSGAFGEV)

PS50011 PROTEIN_KINASE_DOM Protein kinase domain profile :

2209 - 2485: score = 38.789

LKLLRF **LGSGAFGEV** YEGQLKTeDSeepQRVAIKSLRK---GASEFAELLQEAQLMSNFK
 HENIVCLVGICFDTESISLIMEHMEAGDLLSYLRAARATstqepqptagLSLSELLAMCI
 DVANGCSYLEDMHFVHRDLACRNCLVTEStgstdrrRTVKIGDFGLARDIYKSDYyrKEG
 EGLLPVRWMSPELV-DGLFTTQSDVWAFGVLCWEILT1GQQPY-AARNNFEVLAHVKEG
 GRLQOPP---MCTEKLYSLLLLCWRTPWERPSFRRCYNt1HAIS

Predicted features:

DOMAIN	2209	2485	Protein kinase
NP_BIND	2215	2223	ATP
BINDING	2242		ATP
ACT_SITE	2343		Proton acceptor

Étape 2 faire un alignement local entre les deux séquences

emboss

Tous Vidéos Images Maps Actualités Plus Paramètres Outils

Environ 22 900 000 résultats (0,36 secondes)

EMBOSS programs < EMBL-EBI

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/emboss/> Traduire cette page

Pairwise Sequence Alignment: Needle. Create an optimal global alignment of two sequences using the Needleman-Wunsch algorithm. Launch Needle:

[EMBOSS Needle](#) · [EMBOSS Water](#) · [Transeq](#) · [EMBOSS Sixpack](#)

Vous avez consulté cette page 2 fois. Dernière visite : 06/03/18

EMBOSS Logiciel

EMBOSS Programs

Tools > EMBOSS Programs

Selected EMBOSS tools for sequence analysis

Pairwise Sequence Alignment

Needle

Create an optimal global alignment of two sequences using the Needleman-Wunsch algorithm

Launch ([Needle](#))

Alignement global :
algorithme de Needleman
et Wunsch

Stretcher

Improved version of the Needleman-Wunsch algorithm that allows larger sequences to be globally aligned

Launch ([Stretcher](#))

Water

Use the Smith-Waterman algorithm to calculate the local alignment of two sequences

Launch ([Water](#))

Alignement local:
algorithme de Waterman et
Smith

Choisir Water

Pairwise Sequence Alignment

EMBOSS Water uses the Smith-Waterman algorithm (modified for speed enhancements) to calculate the local alignment of two sequences.

STEP 1 - Enter your protein sequences

Enter a pair of

PROTEIN

sequences. Enter or paste your first protein sequence in any supported format:

Or, upload a file: [Choose an fichier](#) [Actual fichier choisi](#)

[View an example sequence](#) | [Clear sequence](#) | [See more examples](#) | [Help](#)

AND

Enter or paste your second protein sequence in any supported format:

Or, upload a file: [Choose an fichier](#) [Actual fichier choisi](#)

STEP 2 - Set your pairwise alignment options

ALIGNMENT FORMAT

pair

The default settings will fulfil the needs of most users.

[More options...](#) (Click here, if you want to view or change the default settings.)

STEP 3 - Submit your job

Be notified by email (Tick this box if you want to be notified by email when the results are available)

Choisir Protein

Copier-coller la première
séquence

Copier-coller la
deuxième séquence

Cliquer sur Submit

Résultat de l'alignement (une partie)

```
# Length: 962
# Identity: 207/962 (21.5%)
# Similarity: 314/962 (32.6%)
# Gaps: 379/962 (39.4%)
# Score: 430.0
#
#
#=====
tyrosine      303 eqngtlnhiadgkpa-----vmgkgipsktnsmeddveeedelkpyv      346
      |..|| |...|.||. |.....|:|:|. | :.:|
7LES_DROME   1859 ETAGT--HRLTGIKPGSGYSLWNQAHATPTKSNSSE-----RLHV      1896

tyrosine      347 yfgaklppir----pgeltikaaegdddhpvrlevsvaqtstptittts      391
      ...|:|:|:| |..|:|:| |.:. |.:
7LES_DROME   1897 RSFAELPELQLLELGPYSLSL-----TWA      1920

tyrosine      392 ttpapvss----trptastr-----pltpversrskykyhm      424
      .||:|:|. |.:|. |. | |. | |.:|:|:|
7LES_DROME   1921 GTPDPLGSLQLECRSSAEQLRRNVAGNHTKMWEPLQP----RTRYQCRL      1966

tyrosine      425 renglvptaappaappappvsrtryvgsgrpt-aglsdsiqdlkqtese      473
      |:..|:|. |. |. |.:|:|:|:|:|:|:|
7LES_DROME   1967 ----LLGYAATP-----GAPLYHGTAEVYETLGDAPSQ      1995

tyrosine      474 vakpvvrrvqkv-----spssstplliitvlisaeettvgqtealptd      516
      ..|:|:|:|:|:| |.:|:|:|:|:|:|:|:|
7LES_DROME   1996 PGKPQLEHIAEEVFRVTWTAARGNGAPIALYNLEALQ-----      2032

tyrosine      517 esttttstttttekpttttsttttvpstskrtttnaplstntptt      566
      .....:|...|:|:|:|:|:|
7LES_DROME   2033 -----ARSDIRRRRRRRRRNSGGSLQLPW-      2057
```

Chercher dans l'alignement local si les motifs kinase dans les deux protéines sont bien alignés (l'un sous l'autre) rappelant que :

- pour la séquence 1 : le motif est de 862 au 870 (LGEGNFGQV)
- pour la séquence 2 : le motif est du 2215 au 2223 (LGSGAFGEV)

```
tyrosine      861 l lgegnfgqv wkae--addlsghfgatrivavktir-acsaqvslkdean      907
      .||. |. |:|:|:|:|:| :.:|.. |.:|:|:|:|:| |. |....|..|:|.
7LES_DROME   2214 FLGSGAFGEV YEGQLKTEDSE----EPQRVAIKSLRKGASEFAELLQEAQ      2259
      2215                               2223
```

- Les 2 motifs sont alignés correctement: l'alignement est juste

Activité 2 :

Objectifs :

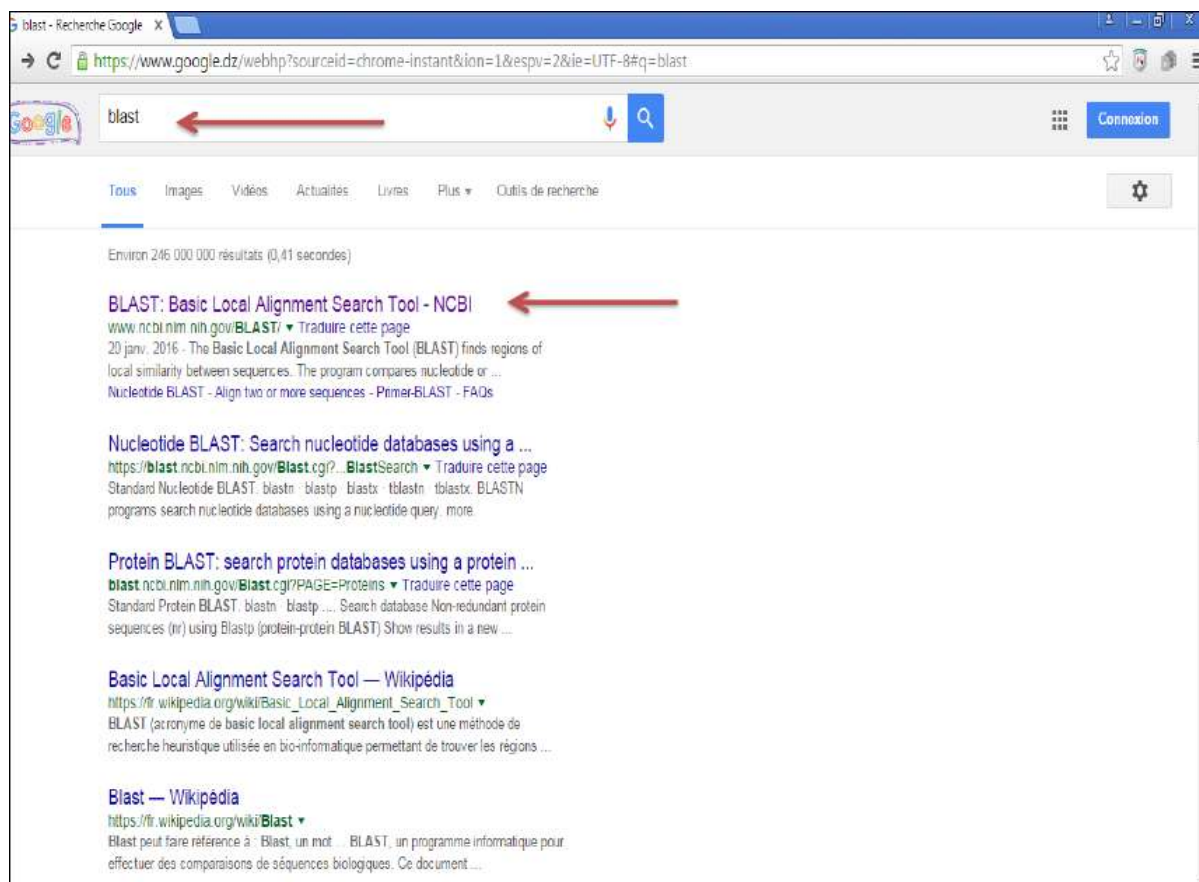
- Comprendre le résultat du programme **BLAST** ;
- Utiliser un programme d'alignement multiple.

Partie 1 : BLAST (voir annexe n°2)

BLAST : Basic Local Alignment Search Tool

Principe: comparer une séquence données (query sequence) contre les séquence d'une base de donnée

Avantage : recherche rapide, facile à utiliser, statistiquement rigoureux



Interface de recherche BLAST :

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](#)

NEWS

Are you identifying organisms? The 16S database may be your best choice.

For initial searches, the 16S database contains the data that most people need to identify organisms.

Fri, 22 Feb 2019 14:00:00 EST [More BLAST news...](#)

Web BLAST

Nucleotide BLAST
nucleotide ▶ nucleotide

blastx
translated nucleotide ▶ protein

tblastn
protein ▶ translated nucleotide

Protein BLAST
protein ▶ protein

BLAST Genomes

Search

Human Mouse Rat Microbes

blastn	Compare une séquence nucléique contre une banque de séquence nucléique
blastp	Compare une séquence protéique contre une banque de séquence protéique
blastx	Compare une séquence nucléique traduite contre une banque de séquence protéique
tblastn	Compare une séquence protéique contre une banque de séquence nucléiques traduites

Atelier :**Contexte :**

En 1766 près de Villefranche de Rouergue, une jeune fille a été dévorée par la mystérieuse « bête du Gévaudan ». Quelle est la vraie nature de cette « bête » ? Loup ? Chien fou ? chat ? Loup-Garou ?

Les restes de la jeune victime sont encore conservés comme reliques dans la crypte de l'église. On a pu retrouver du sang séché sous ses ongles. Le laboratoire de la police scientifique a été

chargé d'analyser ce sang séché. L'analyse a permis d'identifier et d'amplifier par PCR la séquence suivante :

>**Sequence_mystere**

```
CAGCTGGAGACCAAACCTAGGATCTAGGTCACCCCTTGGCAGCAGAGCTGATTTATGGTGCCCT
GACAGCCTAATATCACCAAATTACCCACACAATGGAGAGAGGCTGGGCTGCCTCCTGGCGTCGCTA
AAGGACGCTGAGCCTGGGGCAGCCCTGCCGCTTCTGATCCCAGACCTCCTTTGGGTCTGTGAGAG
AGGGGGCTGGTGCAGACAGAGGCACACCCAGGCATGCCATCATCAACTGGGGGTTAAGTAGGAAG
CCTTGGGGACAGCTCTGTACCCTGCACTCGGGAGCCAGTAGCACTCGGACGACTACTTCCTGTCCCA
CAAGCTGCAACAGAGCCAGCCATGAATTGCAGACAGTTCTTGTCTCCCTGCAGCCGTGACAGCTC
TGGGGGTGGTGGGGGCAGCAAGATGTTCTCCTGCAACCGCAGCAGCTTTTCAGGGGCTAGTGGAG
GAGGGGGCCGATTCAGCTCTTCTAGGAGCTTCGGAGGGGGCAGCCTGGGGCCTGTGGGAGGGGA
GGTGGTGGCAGTTTTGGCTCTAGCTACGGTGGAGGATCTGGGGGCGTTTTAGTGCTGGTAGCTTT
GGGGGACATTCTAGGGGCTCAGTGGTGGTTCTGGAGGAGTTTTGGCGGTGGATTTGGAGGAGGC
TTTGGGGGCTTTAGTGGTGGTTCTGGAGGAGGCTTT
```

1. Soumettre une séquence d'ADN

- Ouvrez le site <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Cliquez sur 'nucleotide blast'.
- Copier-coller cette séquence dans une fenêtre de requête de BLAST. Cochez la case **Exclude Uncultured/environmental sample sequences**. Lancer une requête de recherche de séquence parmi les banques de données (nucleotide collection nr nt) pour les séquences très similaires.
- Attendre le résultat de la recherche, ça peut prendre quelques dizaines de secondes. **Vous accéderez automatiquement à la page des résultats**

2. Comparer une séquence d'ADN avec celles des bases de données

- Vous voyez maintenant le résultat de la recherche BLAST. La page résultat est divisée en 3 parties :
 1. Une vue graphique générale des séquences résultats avec différentes couleurs ;
 2. ensuite la liste des séquences avec leur score et les % d'identité.

3. enfin, une vue plus détaillée, fournissant pour chaque séquence résultat, l'alignement avec notre séquence requête.

- Revenez à la partie graphique. Notre séquence est représentée par la ligne épaisse rouge, graduée de .. à notre séquence fait exactementnucléotides de long).
- Le score de chacun des alignements est indiqué par une des 5 couleurs différentes. Plus le score est grand, plus la qualité est bonne et plus le pourcentage d'identité est élevé.

3. Déterminer l'identité des segments d'ADN

- Combien de séquences de la banque ressemblent à la nôtre (voir le nombre de 'hits') ?
- Utilisez votre curseur de souris pour vous placer sur une barre d'alignement colorée, vous verrez apparaître le nom de la séquence ainsi que le score d'alignement dans la zone de texte située au-dessus du graphique.
- D'après le résultat d'alignement (Rendez-vous aux alignements des 2 espèces avec notre séquence requête).
- Combien de mutations existent-ils en comparant notre séquence avec la séquence NG_008300.2
- Combien de Gaps existent-ils en comparant notre séquence avec la séquence NG_008300.2
- Identifier l'espèce à laquelle appartient l'échantillon (nom latin et nom commun). Justifier votre réponse.

4. Obtenir plus d'information sur une séquence

Cliquez sur le lien GenBank correspondant à la séquence codante donnant le meilleur score d'alignement.

A partir de cette fiche et des liens qui lui sont associés, déduire : le nom du gène auquel appartient cette séquence ; la protéine codée ;

- Donnez les 6 premiers acides aminés de cette protéine.

1.5. Télécharger le résultat d'un BLAST

- Télécharger les séquences FASTA des [AF000949.1](#), [NG_008300.2](#)

Partie 2 : Alignement avec MEGA 11

- 1) Ouvrir le logiciel MEGA 11.
- 2) Lancez un nouvel alignement : a-Align, b-Edit /Build alignement, c-create a new alignment, d-ok, e-DNA.
- 3) Copier-coller (CTRL+C-CTRL+V) les séquences téléchargées dans la fenêtre qui apparait.
- 4) Copier-coller la séquence Mystère avec les autres séquences.
- 5) Lancez un alignement, pour cela suivez les étapes : a-alignement, b- align by ClustalW
- 6) Téléchargez l'alignement en format FASTA en suivant les étapes a-DATA b- Export Alignement c-FASTA format.

Annexe n°2 : Principe de fonctionnement et utilisation de BLAST

- **Principe de l'outil :**

L'acronyme "BLAST" signifie en anglais "Basic Local Alignment Search Tool" ce qui pourrait être traduit par "Outil de Recherche par Alignement Local Basique". Cet outil permet en effet de rechercher, dans les bases de données, l'ensemble des séquences similaires à une séquence donnée.

Pour cela, cet outil va essayer d'aligner la séquence qu'on lui fournit aux différentes séquences contenues dans la base de données utilisée. Le résultat fourni par cet outil est donc une liste de séquences, présentes dans la base de données et rangées par ressemblance décroissante avec la séquence cherchée.

La méthode d'alignement est similaire à celle utilisée par ClustalW (Cf. annexe 3) et fournit donc différentes mesures de ressemblance des séquences entre elles. En outre, cette ressemblance peut être mesurée par le nombre de bases azotées qui sont parfaitement alignées ; c'est ce qu'on appelle le pourcentage d'identité.

- Adresse web :
http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome

- Apparence de l'outil :

The screenshot shows the NCBI BLAST Standard Nucleotide BLAST interface. The page title is "BLAST® Basic Local Alignment Search Tool". The main heading is "Standard Nucleotide BLAST". The interface is divided into several sections:

- Enter Query Sequence:** A text input field for "Enter accession number(s), g(i), or FASTA sequence(s)". A red box highlights this field, with an arrow pointing to a label: "Cadre où copier-coller la séquence à analyser".
- Choose Search Set:** A section for selecting the database. The "Database" dropdown is set to "Nucleotide collection (nr)". A blue box highlights this dropdown, with an arrow pointing to a label: "Zone de choix de la base de données à exploiter".
- Program Selection:** A section for selecting the BLAST program. The "Optimize for" radio buttons are set to "Highly similar sequences (megablast)". A blue box highlights this section, with an arrow pointing to a label: "Zone de choix du programme de recherche à exécuter".
- BLAST Button:** A blue button labeled "BLAST" is located at the bottom left. A blue box highlights this button, with an arrow pointing to a label: "Bouton de lancement".

Other visible elements include "Job Title", "Align two or more sequences", "Exclude" options, and "Limit to" options.

- **Protocole d'utilisation :**

1) Copier-coller la séquence à chercher dans le cadre prévu à cet effet

2) Choisir la base de données à exploiter : cocher "Others (nr etc)" et choisir "Nucleotide collection (nr/nt)" dans le menu déroulant (cette base de données regroupe l'ensemble des ADN et ARN connus à l'heure actuelle).

3) Choisir le programme de recherche à exécuter : cocher "Highly similar sequences (megablast)" ; ce programme est optimal pour chercher des séquences très ressemblantes.

4) Cliquer sur le bouton de lancement "BLAST" puis attendre quelques instants les résultats sur la page qui se charge. La page s'actualisera automatiquement plusieurs fois avant d'afficher les résultats du BLAST.

- **Apparence des résultats :**

Les résultats s'affichent sur une page relativement longue ; il faut par conséquent faire défiler cette page pour accéder aux différentes parties des résultats. Une page de résultats est organisée, de haut en bas, selon le schéma suivant :

1- Récapitulatif de la recherche :



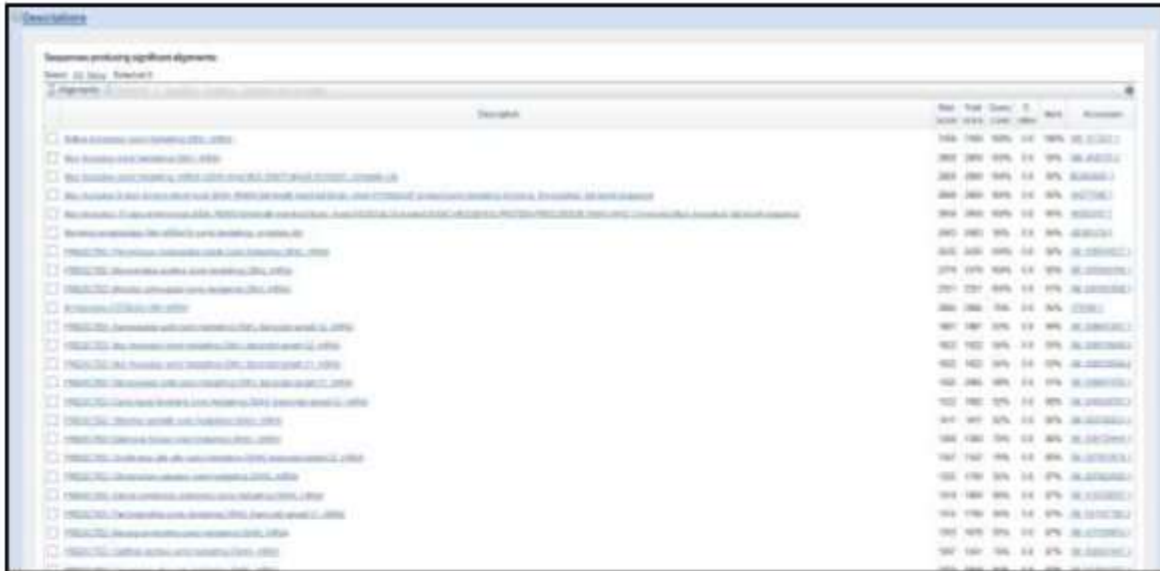
→ Cette partie des résultats rappelle notamment quelle séquence est recherchée, dans quelle base de données et grâce à quel programme.

2- Résumé graphique de la recherche :



→ Dans ce résumé graphique, les traits de couleur correspondent à un alignement entre la séquence recherchée et une séquence de la banque. D'autre part, la couleur correspond au score d'alignement et la longueur à la taille de l'alignement.

3- Liste des séquences (trouvées dans la base de données, qui ressemblent à celle recherchée):

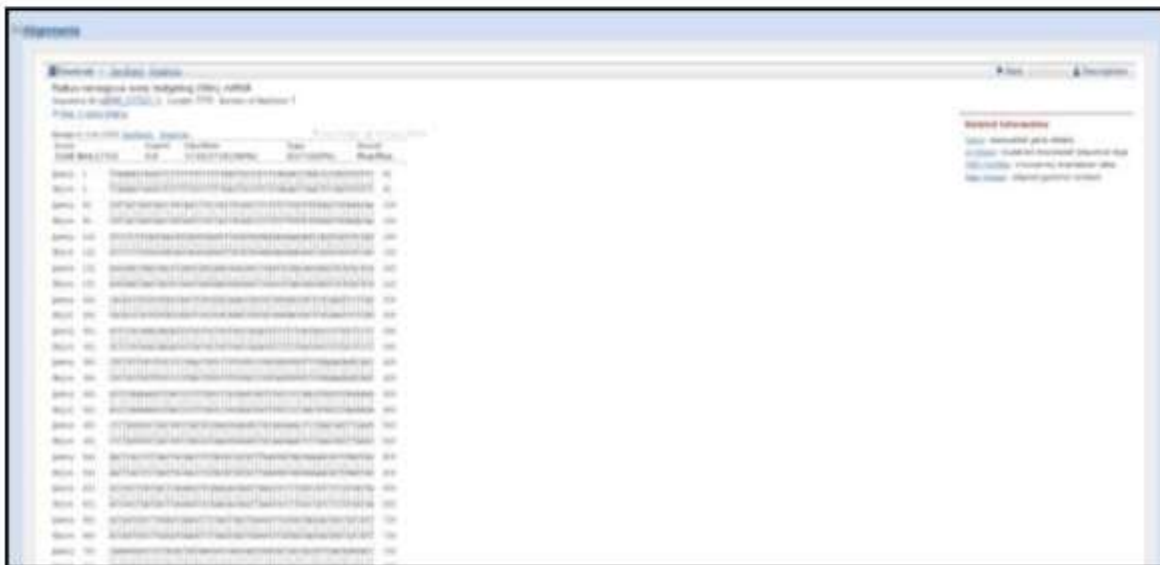


The screenshot shows a BLAST search results page titled "Descriptions". It displays a list of sequences with their descriptions and alignment statistics. The table has columns for "Seq", "Total", "Query", "E", "Bits", and "Accession".

Seq	Total	Query	E	Bits	Accession
1	1000	1000	0.0	1000	NC_012345.1
2	999	999	0.0	999	NC_012346.1
3	998	998	0.0	998	NC_012347.1
4	997	997	0.0	997	NC_012348.1
5	996	996	0.0	996	NC_012349.1
6	995	995	0.0	995	NC_012350.1
7	994	994	0.0	994	NC_012351.1
8	993	993	0.0	993	NC_012352.1
9	992	992	0.0	992	NC_012353.1
10	991	991	0.0	991	NC_012354.1
11	990	990	0.0	990	NC_012355.1
12	989	989	0.0	989	NC_012356.1
13	988	988	0.0	988	NC_012357.1
14	987	987	0.0	987	NC_012358.1
15	986	986	0.0	986	NC_012359.1
16	985	985	0.0	985	NC_012360.1
17	984	984	0.0	984	NC_012361.1
18	983	983	0.0	983	NC_012362.1
19	982	982	0.0	982	NC_012363.1
20	981	981	0.0	981	NC_012364.1
21	980	980	0.0	980	NC_012365.1
22	979	979	0.0	979	NC_012366.1
23	978	978	0.0	978	NC_012367.1
24	977	977	0.0	977	NC_012368.1
25	976	976	0.0	976	NC_012369.1
26	975	975	0.0	975	NC_012370.1
27	974	974	0.0	974	NC_012371.1
28	973	973	0.0	973	NC_012372.1
29	972	972	0.0	972	NC_012373.1
30	971	971	0.0	971	NC_012374.1
31	970	970	0.0	970	NC_012375.1
32	969	969	0.0	969	NC_012376.1
33	968	968	0.0	968	NC_012377.1
34	967	967	0.0	967	NC_012378.1
35	966	966	0.0	966	NC_012379.1
36	965	965	0.0	965	NC_012380.1
37	964	964	0.0	964	NC_012381.1
38	963	963	0.0	963	NC_012382.1
39	962	962	0.0	962	NC_012383.1
40	961	961	0.0	961	NC_012384.1
41	960	960	0.0	960	NC_012385.1
42	959	959	0.0	959	NC_012386.1
43	958	958	0.0	958	NC_012387.1
44	957	957	0.0	957	NC_012388.1
45	956	956	0.0	956	NC_012389.1
46	955	955	0.0	955	NC_012390.1
47	954	954	0.0	954	NC_012391.1
48	953	953	0.0	953	NC_012392.1
49	952	952	0.0	952	NC_012393.1
50	951	951	0.0	951	NC_012394.1
51	950	950	0.0	950	NC_012395.1
52	949	949	0.0	949	NC_012396.1
53	948	948	0.0	948	NC_012397.1
54	947	947	0.0	947	NC_012398.1
55	946	946	0.0	946	NC_012399.1
56	945	945	0.0	945	NC_012400.1
57	944	944	0.0	944	NC_012401.1
58	943	943	0.0	943	NC_012402.1
59	942	942	0.0	942	NC_012403.1
60	941	941	0.0	941	NC_012404.1
61	940	940	0.0	940	NC_012405.1
62	939	939	0.0	939	NC_012406.1
63	938	938	0.0	938	NC_012407.1
64	937	937	0.0	937	NC_012408.1
65	936	936	0.0	936	NC_012409.1
66	935	935	0.0	935	NC_012410.1
67	934	934	0.0	934	NC_012411.1
68	933	933	0.0	933	NC_012412.1
69	932	932	0.0	932	NC_012413.1
70	931	931	0.0	931	NC_012414.1
71	930	930	0.0	930	NC_012415.1
72	929	929	0.0	929	NC_012416.1
73	928	928	0.0	928	NC_012417.1
74	927	927	0.0	927	NC_012418.1
75	926	926	0.0	926	NC_012419.1
76	925	925	0.0	925	NC_012420.1
77	924	924	0.0	924	NC_012421.1
78	923	923	0.0	923	NC_012422.1
79	922	922	0.0	922	NC_012423.1
80	921	921	0.0	921	NC_012424.1
81	920	920	0.0	920	NC_012425.1
82	919	919	0.0	919	NC_012426.1
83	918	918	0.0	918	NC_012427.1
84	917	917	0.0	917	NC_012428.1
85	916	916	0.0	916	NC_012429.1
86	915	915	0.0	915	NC_012430.1
87	914	914	0.0	914	NC_012431.1
88	913	913	0.0	913	NC_012432.1
89	912	912	0.0	912	NC_012433.1
90	911	911	0.0	911	NC_012434.1
91	910	910	0.0	910	NC_012435.1
92	909	909	0.0	909	NC_012436.1
93	908	908	0.0	908	NC_012437.1
94	907	907	0.0	907	NC_012438.1
95	906	906	0.0	906	NC_012439.1
96	905	905	0.0	905	NC_012440.1
97	904	904	0.0	904	NC_012441.1
98	903	903	0.0	903	NC_012442.1
99	902	902	0.0	902	NC_012443.1
100	901	901	0.0	901	NC_012444.1

→ **C'est à cette partie des résultats que vous vous intéresserez principalement.** En effet, en plus de présenter les séquences par ressemblance décroissante, cette liste contient une description pour chaque séquence trouvée dans la base de données. Ce sont ces descriptions qui vous permettront d'identifier les séquences que vous recherchez. Par conséquent, c'est cette partie que vous présenterez par impression d'écran.

4- Liste des alignements (aux séquences trouvées dans la base de données) :



The screenshot shows a BLAST search results page titled "Alignments". It displays a list of alignments between the query sequence and the database sequences. The table has columns for "Query", "Subject", "Score", "E", "Identical", "Positives", "Gaps", and "Frameshift".

Query	Subject	Score	E	Identical	Positives	Gaps	Frameshift
1	1	1000	0.0	1000	1000	0	0
2	2	999	0.0	999	999	0	0
3	3	998	0.0	998	998	0	0
4	4	997	0.0	997	997	0	0
5	5	996	0.0	996	996	0	0
6	6	995	0.0	995	995	0	0
7	7	994	0.0	994	994	0	0
8	8	993	0.0	993	993	0	0
9	9	992	0.0	992	992	0	0
10	10	991	0.0	991	991	0	0
11	11	990	0.0	990	990	0	0
12	12	989	0.0	989	989	0	0
13	13	988	0.0	988	988	0	0
14	14	987	0.0	987	987	0	0
15	15	986	0.0	986	986	0	0
16	16	985	0.0	985	985	0	0
17	17	984	0.0	984	984	0	0
18	18	983	0.0	983	983	0	0
19	19	982	0.0	982	982	0	0
20	20	981	0.0	981	981	0	0
21	21	980	0.0	980	980	0	0
22	22	979	0.0	979	979	0	0
23	23	978	0.0	978	978	0	0
24	24	977	0.0	977	977	0	0
25	25	976	0.0	976	976	0	0
26	26	975	0.0	975	975	0	0
27	27	974	0.0	974	974	0	0
28	28	973	0.0	973	973	0	0
29	29	972	0.0	972	972	0	0
30	30	971	0.0	971	971	0	0
31	31	970	0.0	970	970	0	0
32	32	969	0.0	969	969	0	0
33	33	968	0.0	968	968	0	0
34	34	967	0.0	967	967	0	0
35	35	966	0.0	966	966	0	0
36	36	965	0.0	965	965	0	0
37	37	964	0.0	964	964	0	0
38	38	963	0.0	963	963	0	0
39	39	962	0.0	962	962	0	0
40	40	961	0.0	961	961	0	0
41	41	960	0.0	960	960	0	0
42	42	959	0.0	959	959	0	0
43	43	958	0.0	958	958	0	0
44	44	957	0.0	957	957	0	0
45	45	956	0.0	956	956	0	0
46	46	955	0.0	955	955	0	0
47	47	954	0.0	954	954	0	0
48	48	953	0.0	953	953	0	0
49	49	952	0.0	952	952	0	0
50	50	951	0.0	951	951	0	0
51	51	950	0.0	950	950	0	0
52	52	949	0.0	949	949	0	0
53	53	948	0.0	948	948	0	0
54	54	947	0.0	947	947	0	0
55	55	946	0.0	946	946	0	0
56	56	945	0.0	945	945	0	0
57	57	944	0.0	944	944	0	0
58	58	943	0.0	943	943	0	0
59	59	942	0.0	942	942	0	0
60	60	941	0.0	941	941	0	0
61	61	940	0.0	940	940	0	0
62	62	939	0.0	939	939	0	0
63	63	938	0.0	938	938	0	0
64	64	937	0.0	937	937	0	0
65	65	936	0.0	936	936	0	0
66	66	935	0.0	935	935	0	0
67	67	934	0.0	934	934	0	0
68	68	933	0.0	9			