

# Utilisation de Biopython

## (analyse de séquences génomiques)

### Exercice d'utilisation de Biopython

#### 1. Réalisation d'un blast

- a. Télécharger et sauvegarder la séquence de numéro d'accession « NC\_005213 » en format fasta (en utilisant Biopython).
- b. Réaliser un blast du complémentaire de la sous séquence comprise entre les bases 7398 et 8423 contre la banque 'nr'
- c. Afficher le résultat dans un navigateur (en passant par python)

#### 2. Récupérer la taxonomie des matchs

Le blast a été parsé dans le fichier *bl\_acc\_numbers.txt*, il contient les accessions des 10 premiers alignement. A partir des accessions, rechercher la taxonomie des 10 organismes en question.