

Alignement multiple

Dans cet exercice, vous allez utiliser les programmes d'alignement multiple *Clustal Omega*, *Muscle* et *kalign*, disponibles tous les trois sur le serveur [MSA tools](#) de l'EBI.

Séquences du gène de l'alpha-globine

Le premier jeu de données est disponible dans le fichier [alpha_globin.fasta](#), qui contient les séquences du gène de l'alpha-globine pour l'homme (CAA23748), la souris (CAA24095), la carpe (BAA20512) et la chèvre (CAA28435).

Alignement avec Clustal Omega

1. Ouvrez le formulaire de [Clustal Omega](#), et entrez les données. Veillez à cocher *DNA* pour le type de séquence.
2. Lancez le calcul.

Question 1 : Examinez l'alignement multiple obtenu. Que peut-on dire ?

Question 2 : Consultez l'arbre guide construit par Clustal Omega (onglet en haut). Quelles sont les deux séquences que Clustal Omega a aligné en premier ? Quelle est la dernière espèce à avoir été incorporée dans l'alignement ?

1. Ouvrez l'onglet Results Summary et consultez la *Percent Identity Matrix*. Cette matrice est calculée à partir de l'alignement multiple et donne les pourcentages d'identité pour chaque paire de séquences dans l'alignement.

Question 3 : Quelles sont les séquences qui s'alignent le mieux, le moins bien ?

1. Rendez-vous sur l'onglet *Results Viewer* et ouvrez *Mview*. Ce programme permet de visualiser l'alignement multiple

en couleurs et fournit également une séquence consensus.

2. Lancez *Mview*. L'identifiant de votre alignement multiple est pré-soumis. Vous avez juste à valider le job (*submit*).

Question 4 : Examinez l'alignement et les séquences consensus (seuils 100%, 90%, 80% et 70%). Il y a-t-il beaucoup de différences entre les séquences consensus à 100%, 90% et 80%. A votre avis, pourquoi ?

Alignement avec Muscle

Utilisez maintenant *Muscle* pour construire l'alignement multiple.

Question 5 : Quelle est votre conclusion ?

Alignement avec kalign

Le dernier logiciel d'alignement multiple à tester est *kalign*. Lancez-le sur les quatre séquences.

Question 6 : Que pensez-vous de l'alignement multiple obtenu ?

Consultez la matrice des pourcentages d'identité (onglet *Results Summary*).

Question 7 : Que pensez-vous maintenant ?

Un autre point de vue

Vous allez maintenant comparer *Clustal omega*, *Muscle* et *kalign* sur les quatre séquences ci-dessous.

```
>seq1
GTAGCCGGTAGGATTATACACCGACGCACCTGTTTACACGTCGTAATCGATCGATCGATCG
TGCATAAACGAGCCGCACGAACCAGAGAGCATAAAGAGGACCTCTAGTTCCTTTACAAAGT
ACAGGTTTCGCTGTCGCCAAGATGCCTTACCTAGATGCAATGACGGACGTATTCCTCTGGC
CTCAACGGTTCCTGCTTCGCTGGGATCCAAGATTGGCAGCTGAAACC
>seq2
GTCCTATCGATCGATCGATCGTCGTCTGTGACTAACTGTGCCAAATCGTCTTGCAAACCTCC
TGATCCAGTTTAACTACCAAATTATAGCCATACAGACCCAAATTTTAAATCATATCACGC
GACTAGCCTCTGCTTAATTTCTGTGCTCAAGGGTTTTGGTCCGCCATCGATCGATCGATCG
CGAGCGGTGCAGCCGATTAGGACCATCTAATGCACTTGTTACAAGACTTCTTTT
>seq3
CCTGCCCAGTAGCGGATGAATCGATCGATCGATCGTAATGGTTGTTGCCAGCCGGTGTGGA
AGGTAACAGCACCGGTGCGAGCCTAATGTCCGCTCTCCACCAACACAAGGCTATCCGGTCG
TATAATAGGATTCCGCAATGGGGTTAGCAAATGGCAGCCTAAACGATATCGGGGACTTGCG
```

```
ATGTACATGCTTTGGTTCAATACATACGTGACCCAGTAGTTATCCTGT
>seq4
ATCGGAACATCAATTGTGCATCGGGCCAGCATAATCATGTCATCTGGGAAGTGGCCGTAGG
ATAAATAATTCAATATCGATCGATCGATCGAAAGATGTCGTTTTGCTAGTATACGTCTAGG
CGTCACCCGCCATCTCTGTGCAGGTGGGCCGACGAGACATTGTCCTGATTTCTCCACTAC
TAATAGCACACACGGGGCAATACCAGCACAAAGCTAGTCTCGCGGGAAC
```

1. Construisez un alignement multiple avec *kalign*, pour commencer.
2. Aidez-vous de *Mview* pour analyser le résultat.

Question 8 : vous devez repérer un motif partagé entre les quatre séquences. Le voyez-vous ?

Question 9 : Comment pourrait-on confirmer cette analyse ? Avec quel autre type d'outil ou d'approche ?

Construisez maintenant des alignements multiples avec *Clustal Omega*, puis avec *Muscle*.

Question 10 : Cherchez le motif dans l'alignement de *Clustal Omega*. Dans combien de séquences le motif est-il identifié ? N'hésitez pas à regarder sur *Mview*.

Question 11 : Même question dans l'alignement multiple proposé par *Muscle*.

Quelle est la conclusion de toutes ces analyses ?

[\[Retour à la page principale\]](#)