

Binôme : Medjdoubi Imene & Ghomari Alae  
Groupe : 02

## TP4 — Alignement Multiple des Séquences ACTB

### 1. Captures d'écran pour le résultat de chaque méthode.

---

#### CLUSTALW Result

WARNING: possibly wrong combination

```
-----  
Selected type :      PROTEIN  
Query sequence:     DNA  
-----
```

[\[readme\]](#)

Select tree menu ▼

Exec

---

CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

```
Sequence type explicitly set to Protein  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: gi|1519311456|ref|NM_001101.5| 1812 aa  
Start of Pairwise alignments  
Aligning...
```

Only 1 sequence, cannot do multiple alignment

---

Select tree menu ▼

Exec

## CLUSTALW Result

WARNING: possibly wrong combination

```
-----  
Selected type :      PROTEIN  
Query sequence:      DNA  
-----
```

[\[readme\]](#)

Select tree menu ▾

Exec

---

### CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

```
Sequence type explicitly set to Protein  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: gi|45382926|ref|NM_205518.1| 1736 aa  
Start of Pairwise alignments  
Aligning...
```

Only 1 sequence, cannot do multiple alignment

---

Select tree menu ▾

Exec

---

## CLUSTALW Result

WARNING: possibly wrong combination

```
-----  
Selected type :      PROTEIN  
Query sequence:      DNA  
-----
```

[\[readme\]](#)

Select tree menu ▾

Exec

---

### CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

```
Sequence type explicitly set to Protein  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: gi|930945786|ref|NM_007393.5| 1935 aa  
Start of Pairwise alignments  
Aligning...
```

Only 1 sequence, cannot do multiple alignment

---

Select tree menu ▾

Exec

---

## CLUSTALW Result

WARNING: possibly wrong combination

```
-----  
Selected type :      PROTEIN  
Query sequence:      DNA  
-----
```

[\[readme\]](#)

Select tree menu ▾

Exec

---

### CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

```
Sequence type explicitly set to Protein  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: gi|18858334|ref|NM_131031.1| 1700 aa  
Start of Pairwise alignments  
Aligning...
```

Only 1 sequence, cannot do multiple alignment

---

Select tree menu ▾

Exec

---

## CLUSTALW Result

WARNING: possibly wrong combination

```
-----  
Selected type :      PROTEIN  
Query sequence:      DNA  
-----
```

[\[readme\]](#)

Select tree menu ▾

Exec

---

### CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

```
Sequence type explicitly set to Protein  
Sequence format is Pearson  
Sequence 1: gi|402744873|ref|NM_031144.3| 1293 aa  
Start of Pairwise alignments  
Aligning...
```

Only 1 sequence, cannot do multiple alignment

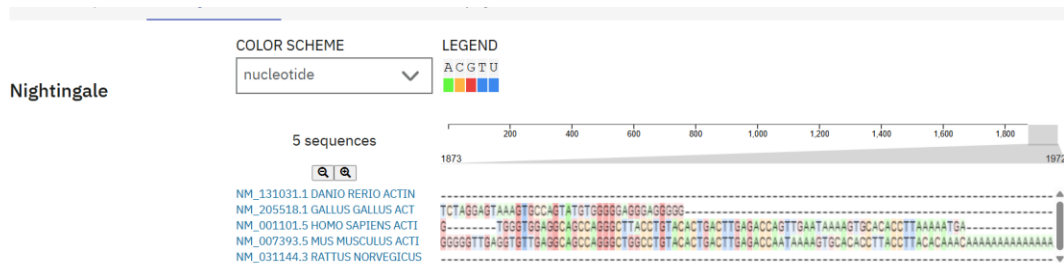
---

Select tree menu ▾

Exec

## Clustal Omega

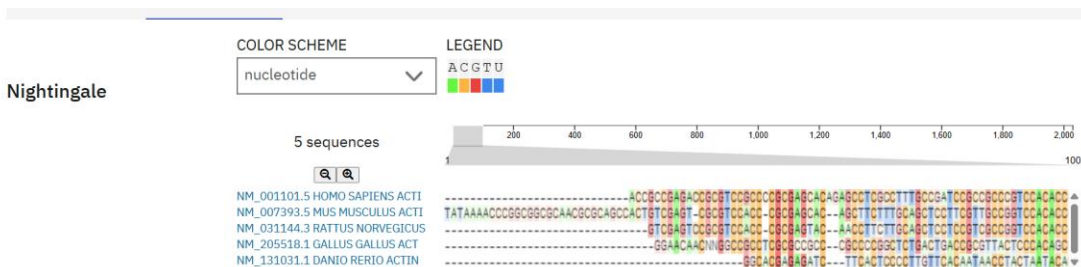
Description : paramètres utilisés (par défaut ou spécifiés).



Longueur totale de l'alignement : 1972

## MAFFT

Description : paramètres utilisés (par défaut ou spécifiés).

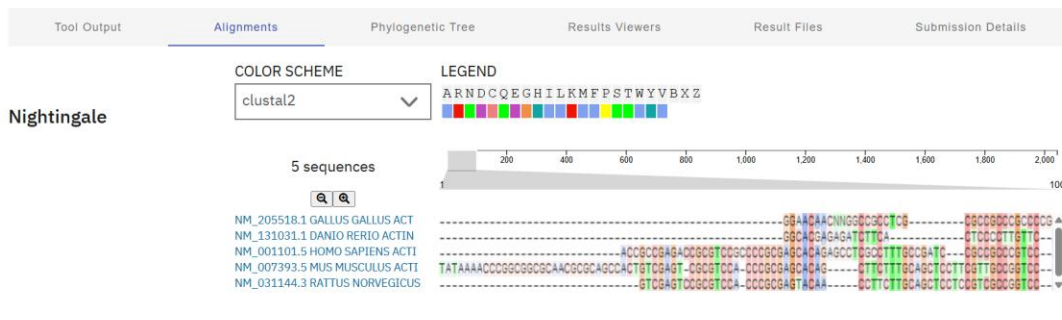


Longueur totale de l'alignement : 2029

Observations (régions conservées, divergences, gaps) :

## MUSCLE 5

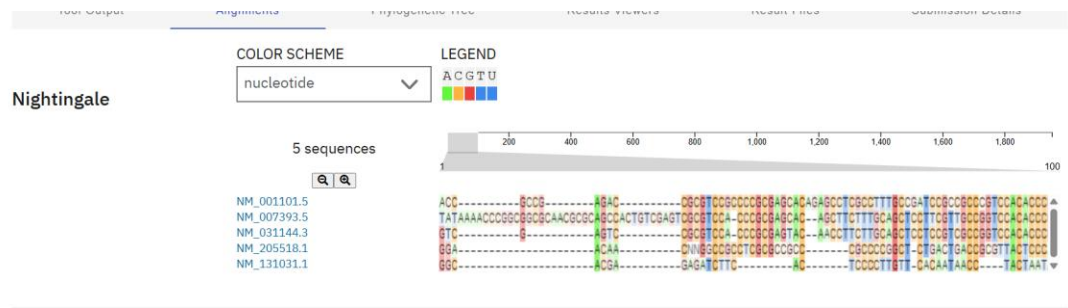
Description : paramètres utilisés (par défaut ou spécifiés).



Longueur totale de l'alignement : 2003

Kalign

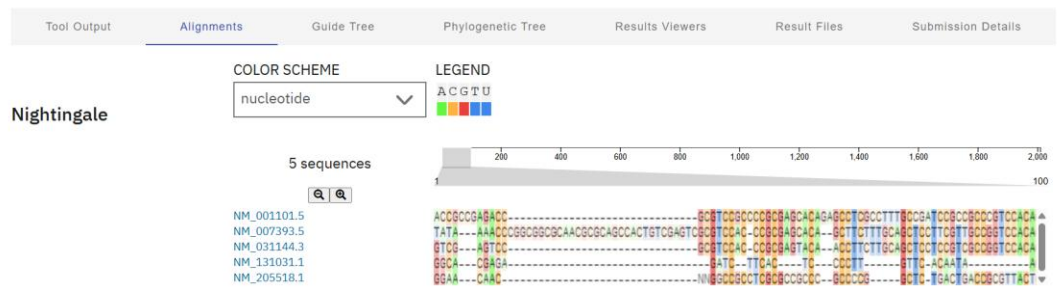
Description : paramètres utilisés (par défaut ou spécifiés).



Longueur totale de l'alignement : 1953

T- Coffee

Description : paramètres utilisés (par défaut ou spécifiés).



Longueur totale de l'alignement : 2009

EMBOSS Cons

Pas alignement.

-

2. Tableau comparatif des méthodes

Méthode	Avantages	Limites
ClustalW	Simple, classique, facile à utiliser	Moins précis pour de grands jeux de données
Clustal Omega	Très précis, adapté aux grandes données	Peut être plus lent

MAFFT	Très rapide et efficace	Légère perte de précision dans certains cas
MUSCLE 5	Excellent compromis entre vitesse et précision	Plus lent sur de très gros jeux
Kalign	Ultra rapide	Moins précis dans les régions très variables
T-Coffee	Alignements de très haute qualité	Très lent
EMBOSS Cons	Permet de générer un consensus utile	N'est pas un véritable outil d'alignement multiple

### 3-Observations (régions conservées, divergences, gaps) :

#### Régions conservées :

On observe plusieurs colonnes totalement identiques entre les séquences, surtout chez *Homo sapiens*, *Mus musculus* et *Rattus norvegicus*. Ces régions montrent une forte conservation du gène **ACTB** chez les mammifères, ce qui est attendu pour un gène d'architecture et de fonction conservées.

#### Régions divergentes :

Les séquences de *Gallus gallus* et *Danio rerio* présentent plusieurs substitutions nucléotidiques par rapport aux mammifères. Ces différences sont localisées par endroits et reflètent l'éloignement évolutif de ces espèces vis-à-vis des mammifères.

#### Gaps (insertions/délétions) :

Des gaps (-) sont visibles principalement dans les alignements de *Danio rerio* et *Gallus gallus*, indiquant des insertions/délétions relatives. En revanche, *Homo sapiens*, *Mus musculus* et *Rattus norvegicus* montrent peu de gaps, confirmant une similarité structurale élevée entre elles.

---

### Phrase de synthèse

L'analyse met en évidence une conservation marquée du gène **ACTB** chez les mammifères étudiés, tandis que *Gallus gallus* et *Danio rerio* montrent des substitutions et des insertions/délétions plus fréquentes, traduisant des divergences évolutives.