# 3. Variantes en file indienne

L’alignement consiste à superposer deux (ou plusieurs) séquences de nucléotides ou d’acides aminés pour **repérer leurs similitudes et différences**. Éventuellement des "gaps" (–) sont inséres pour maximiser le nombre de positions identiques ou biologiquement équivalentes.

* Pourquoi ? Pour déterminer les régions conservées (indices de fonctions ou de structures importantes) et estimer la distance évolutive entre variantes.
* Comment ça marche ? Un algorithme (par ex. MUSCLE ou Clustal Omega) calcule un score basé sur des matrices de substitution (match/mismatch) et pénalise les gaps, puis trouve la meilleure “mise en correspondance” globale.

**Instructions pour l’alignement avec MUSCLE :**

1. **Connectez-vous** à la page MUSCLE du EBI
2. **Copiez-collez** tout le contenu de votre fichier *mystery\_gene\_variants.fasta* dans la zone “Input”
3. **Lancez** l’alignement en mode par défaut (Clustal W), puis **analysez** ensemble les résultats

**Questions à rédiger :**

1. Quelles sont les variations observées pour **variant\_1**, **variant\_2** et **variant\_3** par rapport au WT (canonical) ?
2. Sans regarder la séquence ADN, pouvez-vous déduire, d’après l’alignement protéique, les polymorphismes nucéotidiques trouvés sont-ils **synonymes**, **non-sens** ou **faux-sense** ?
3. Pour chaque cas, quelles substitutions nucléotidiques (ex. A→G, C→T…) dans l’ADN codant expliqueraient ces changements d’acides aminés ? (Astuce : utilisez votre table des codons)