Fiche technique : comparer des séquences entre elles avec Clustal Omega



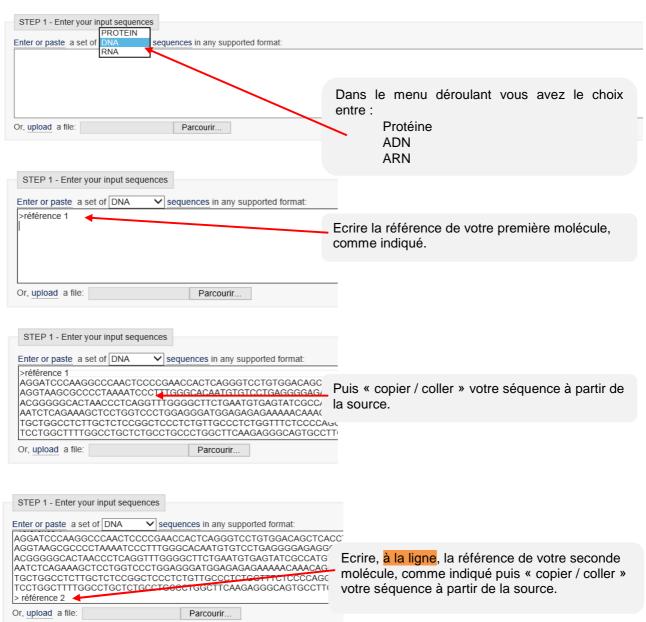
Objectif : ce site en ligne, hébergé par le European Bioinformatics Institute, permet de comparer soit :

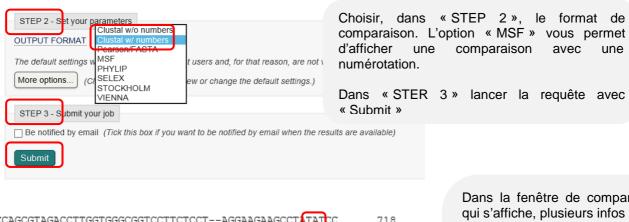
des séquences de nucléotides (= fragment d'ADN) entre elles des séquences d'acides aminés (= protéine) entre elles

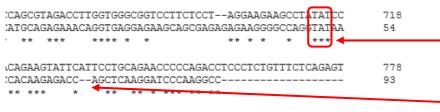
Objectif 1 : Choisir le type de molécules à comparer

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that uses seeded guide trees and HMM profile-profile techniques to generate alignments.



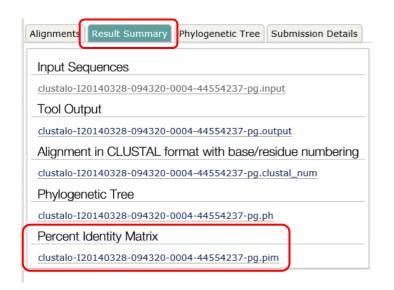




Dans la fenêtre de comparaison qui s'affiche, plusieurs infos :

> Une étoile indique une similitude entre les molécules.

> Un tiret indique l'absence un « trou » c'est à dire l'absence d'équivalent entre les 2 molécules.



Dans l'onglet « Result Summary », la rubrique "Percent Identity Matrix » vous permet de connaître le % d'identité entre les 2 molécules étudiées.

```
Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1
                100.00 63.23
63.23 100.00
  2: variante
```