

Profa. Dra. Raquel C. de Melo-Minardi
Departamento de Ciência da Computação
Instituto de Ciências Exatas
Universidade Federal de Minas Gerais

	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
0	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*
1	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
2	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*
3	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
4	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*
5	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
6	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*
7	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
8	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*
9	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
10	*	←	*	←	*	←	*	←	*	←	*

MÓDULO 4
ALGORITMOS PARA BIOINFORMÁTICA
Tipos de alinhamento de sequências

TIPOS DE ALINHAMENTOS DE SEQUENCIAS

- ▶ Na aula anterior, apresentamos a base do algoritmo Needleman-Wunsch [Needleman e Wunsch, 1970], proposto por Saul Needleman e Christian Wunsch na década de 1970
- ▶ Trata-se de um algoritmo para **alinhamento global par-a-par de sequências**
- ▶ Há quatro tipos de algoritmos para alinhamento
 - ▶ para-a-par
 - ▶ múltiplo
 - ▶ global
 - ▶ local

Alinhamentos par-a-par são usados para identificar regiões de similaridade que podem indicar relações funcionais, estruturais e / ou evolutivas entre **duas** seqüências biológicas (proteína ou ácido nucleico).

EMBL/EBI Web Site

Alinhamentos múltiplos (do inglês *Multiple Sequence Alignment - MSA*) é geralmente o alinhamento de três ou mais sequências biológicas (proteína ou ácido nucleico) de comprimento próximo. A partir da saída, a homologia pode ser inferida e as relações evolutivas entre as seqüências estudadas.

EMBL/EBI Web Site

Alinhamento global é um alinhamento de ponta a ponta das seqüências a alinhadas.

EMBL/EBI Web Site

Alinhamento local encontra um ou mais alinhamentos que descrevem as regiões mais semelhantes nas seqüências a serem alinhadas.

EMBL/EBI Web Site