Alinhamento simples

- Aquele realizado entre seqüências de DNA ou proteínas, desde que par a par.

```
Score =  652 bits (329), Expect = 0.0
  Identities = 240/240 (100%)
  Strand = Plus / Plus


Query: 1   ctttcaagatgaacgaaccaactggtgtcgggccaacatttgctgatgcatgcgatgatg 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct: 136 ctttcaagatgaacgaaccaactggtgtcgggccaacatttgctgatgcatgcgatgatg 195


Query: 61  gcgaacttatcagcatttgttgtctttgtggtaaaacgttttcaagtcagagtcttctac 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct: 196 gcgaacttatcagcatttgttgtctttgtggtaaaacgttttcaagtcagagtcttctac 255


Query: 121 acaaacattttgaattgatgcatgaaggtacggaaatagatactgaacagtatgatctaa 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct: 256 acaaacattttgaattgatgcatgaaggtacggaaatagatactgaacagtatgatctaa 315


Query: 181 gtggatttgccgctatggggaatgaacaaggtcgtaaaagtaatggtgaagaagatgcaa 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct: 316 gtggatttgccgctatggggaatgaacaaggtcgtaaaagtaatggtgaagaagatgcaa 375
```

Instituto
René Rachou
FIOCRUZ MINAS

- Aquele realizado entre MAIS DE DUAS seqüências de DNA ou proteínas ao mesmo tempo.

- Busca a melhor combinação de alinhamento que satisfaça todas as entradas.

```
Seq1    --------------------------------------------------------------
Seq4    -GCACGAGGACTGTGA-----ACCGAATCGGTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq2    -----------------------------GTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq3    GGCACGAGGGCTACGACTGTGAACGAATCGGTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA


Seq1    --------------------------------------------------------------
Seq4    ATCTATTGTGTAGACTATTAACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq2    ATCTATTGTGTAGACT-TTAACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq3    ATCTATTGTGTAGACTATTAACTATGGAATTTTACTTCACATT-ACTAAAAAGCTGAGCA


Seq1    ----------------------CTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
Seq4    AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
Seq2    AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
Seq3    AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
                              ****************************************
```