

- 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-----ACCGAATCGGTTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq2	-----GTTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq3	GGCACGAGGGCTACGACTGTGAACGAATCGGTTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA

Seq1	-----
Seq4	ATCTATTGTGTAGACTATTA ACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq2	ATCTATTGTGTAGACT-TTA ACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq3	ATCTATTGTGTAGACTATTA ACTATGGAATTTTACTTCACATT-ACTAAAAAGCTGAGCA

Seq1	-----CTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGGCCAACAT
Seq4	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGGCCAACAT
Seq2	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGGCCAACAT
Seq3	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGGCCAACAT

- Global: as sequências são alinhadas do início ao fim.
- Local: fragmentos das sequências é que são comparados.

