## Alinhamento Múltiplo



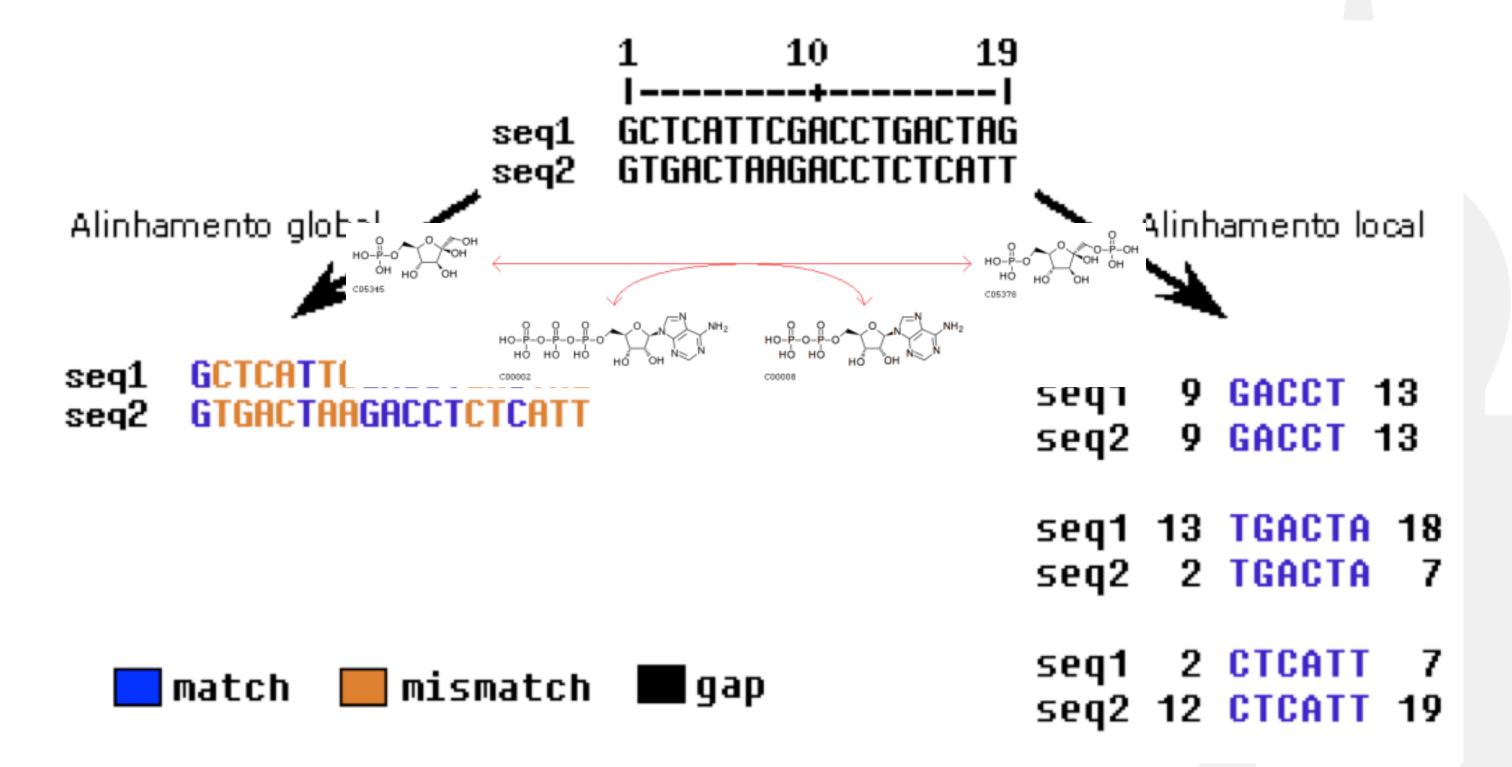
- Aquele realizado entre MAIS DE DUAS seqüências de DNA ou proteínas ao mesmo tempo.
- Busca a melhor combinação de alinhamento que satisfaça todas as entradas.

Seq1	
Seq4	-GCACGAGGACTGTGAACCGAATCGGTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq2	GTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq3	GGCACGAGGGCTACGACTGTGAACGAATCGGTTCAGTAAAATGTTCAATTGTGCGCTGGA
Seq1	
Seq4	ATCTATTGTGTAGACTATTAACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq2	ATCTATTGTGTAGACT-TTAACTATGGAATTTTACTTCACATTGACTAAAAAGCTGAGCA
Seq3	ATCTATTGTGTAGACTATTAACTATGGAATTTTACTTCACATT-ACTAAAAAGCTGAGCA
Seq1	
Seq4	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
Seq2	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
Seq3	AATATACCTGGAGCGTTCAGACTTTCAAGATGAACGAACCAACTGGTGTCGGGCCAACAT
	**************

## Alinhamento Global Vs. Local



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



Prosdocimi, F.; FOLGUERAS-FLATSCHART, A. V.; CERQUEIRA, G. C.; BINNECK, E. . Bioinformática: manual do usuário. Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento (Impresso), v. 29, p. 18-31, 2003.