

Universidade Federal do Tocantins

Alinhamento de Múltiplas Sequências

Ciência da Computação

Kalil C. e Icaro M.

October 24, 2024



Sumário

1 O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

► O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

► O Desafio

► Solução Proposta

► Aplicações



O Problema

1 O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

O MSA é um problema central em biologia computacional e envolve alinhar várias sequências biológicas (DNA, RNA ou proteínas). Essas sequências são compostas de símbolos de um alfabeto finito. No caso do DNA, o alfabeto é A, C, G, T;

- Alinhar letras de diferentes sequências (DNA, por exemplo)
- Inserir gaps onde necessário

Exemplo:

- ACGT
- A-GT
- ACC-



Sumário

2 O Desafio

▶ O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

▶ O Desafio

▶ Solução Proposta

▶ Aplicações



Desafio

2 O Desafio

- Crescimento exponencial das combinações
- Alinhamento ótimo é NP-difícil



Sumário

3 Solução Proposta

▶ O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

▶ O Desafio

▶ Solução Proposta

▶ Aplicações



Divisão e Conquista

3 Solução Proposta

O objetivo deste artigo é melhorar a eficiência do alinhamento de múltiplas sequências usando Divisão e conquista.

- **Divisão:** Cortar sequências em partes
- **Conquista:** Resolver prefixos e sufixos separadamente
- **Combinação:** Juntar soluções



Sumário

4 Aplicações

► O Problema do Alinhamento de Múltiplas Sequências

► O Desafio

► Solução Proposta

► Aplicações



Aplicações

4 Aplicações

- Identificação de genes semelhantes em diferentes espécies.
- Comparação de proteínas para entender suas funções.
- Reconstrução de árvores evolutivas baseadas em semelhanças entre sequências.



Obrigado!