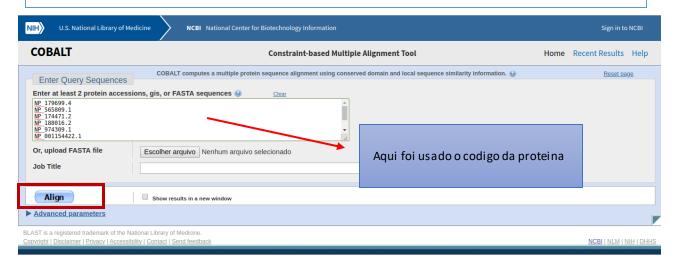
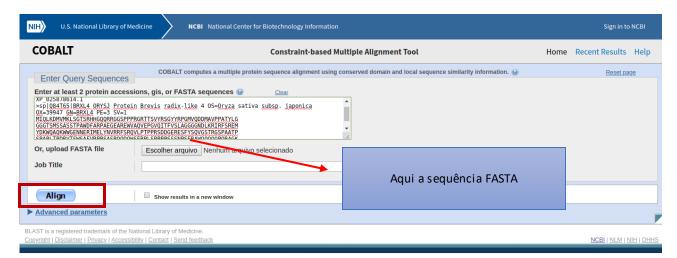
PASSO 3 – Analisar as sequencias

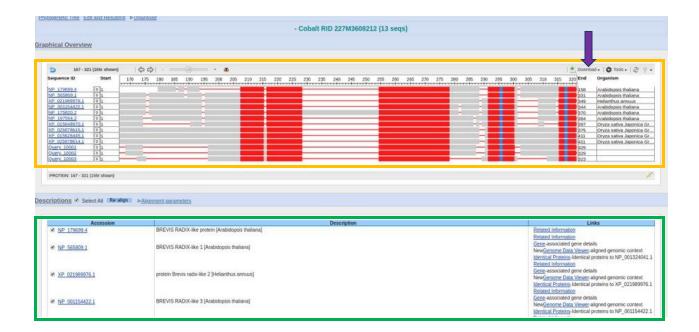
Após a preparação de todas as entradas preparadas podemos rodar as análises clicando em Align





Obs: Aqui foi usada a sequência fasta devido ela ter sido retirada de outro banco de dados pois as sequencias dos genes Oryza sativa OsBRXL3, Oryza sativa OsBRXL4 e Oryza sativa OsBRXL5 não estavam contidas no NCBI

PASSO 4 – RESULTADOS As saídas obtidas



- É possível fazer o download do arquivo fasta do alinhamento mutiplo
- Mostra o alinhamento das sequencias
- A região conservada das sequencias analisadas
- Mostra as principais informações das sequencias como ID, Nome e links relacionados a estas