

3 - Apresentar de maneira didática a metodologia para chegar aos resultados.:

• PASSO 1

- Para o alinhamento múltiplo das sequencias buscando a similaridade foi utilizado a ferramenta COBALT do NCBI
- COBALT = **Constraint-based Multiple Alignment Tool**
- O COBALT é uma ferramenta de alinhamento de múltiplas seqüências que encontra uma coleção de restrições em pares derivadas do banco de dados de domínio conservado, banco de dados de motivos de proteínas e similaridade de sequência, usando RPS-BLAST, BLASTP e PHI-BLAST. Restrições aos pares são então incorporadas em um alinhamento múltiplo progressivo.
- **LINK DE ACESSO:**
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/cobalt/cobalt.cgi?CMD=Web>

Interface do COBALT

The screenshot shows the COBALT web interface. At the top, there's a navigation bar with 'NIH' and 'NCBI' logos, and links for 'Home', 'Recent Results', and 'Help'. Below this, the title 'COBALT Constraint-based Multiple Alignment Tool' is displayed. The main section is titled 'Enter Query Sequences' and contains a large text input field for 'Enter at least 2 protein accessions, gis, or FASTA sequences'. Below this field is a button labeled 'Align'. To the right of the 'Align' button is a checkbox labeled 'Show results in a new window'. Below the 'Align' button is a link for 'Advanced parameters'. At the bottom of the page, there is a footer with copyright information and links for 'Copyright', 'Disclaimer', 'Privacy', 'Accessibility', 'Contact', and 'Send feedback'.

Detalhes Importantes

This annotated screenshot provides detailed instructions for using the COBALT interface. Red arrows point from text boxes to specific elements on the page:

- A box on the right states: "Aqui devem ser colocadas as queries na forma fasta uma em seguida da outra" (Here, the queries must be placed in FASTA format, one after the other), with an arrow pointing to the main text input field.
- A box below it states: "É possível criar um documento com todas as sequencias (FASTA) e carrega-lo neste campo" (It is possible to create a document with all the sequences (FASTA) and load it into this field), with an arrow pointing to the 'Escolher arquivo' (Choose file) button.
- A box at the bottom right states: "Manter esse campo selecionada faz com o seu resultado seja mostrado em uma nova guia" (Keeping this field selected makes your result be shown in a new tab), with an arrow pointing to the 'Show results in a new window' checkbox.
- A box at the bottom left states: "Após as sequencias FASTA carregadas esse botão da origem ao trabalho" (After the FASTA sequences are loaded, this button returns you to the work area), with an arrow pointing to the 'Align' button.
- A box at the bottom center states: "Clicando nesse item é possível mudar as configurações padrões do alinhamento" (Clicking on this item it is possible to change the default alignment settings), with an arrow pointing to the 'Advanced parameters' link.