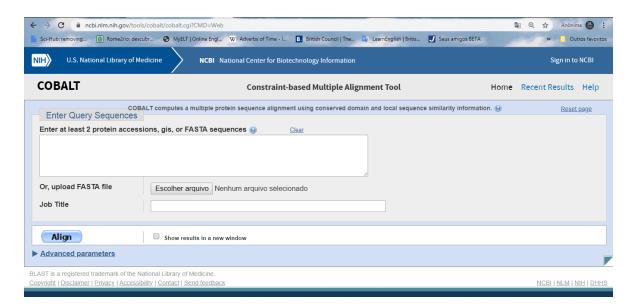
3 - Apresentar de maneira didática a metodologia para chegar aos resultados.:

- 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



Detalhes Importantes

