

## PASSO 5 – Análise das sequencias

o tempo de análise varia conforme a quantidade de sequencias, mas é bem rápido.

Abaixo é mostrado a tela indicadora das análises



The screenshot shows the UniProt BLAST web interface. At the top, there is a navigation bar with the UniProt logo, a search bar containing "UniProtKB", and links for "Advanced" and "Search". Below the navigation bar, there are tabs for "BLAST", "Align", "Retrieve/ID mapping", and "Peptide search". The "Align" tab is currently selected. On the right side of the navigation bar, there are links for "Help" and "Contact", and a "Basket" button. The main content area displays the text "Align" in a large font, followed by "Job status: RUNNING" in a bold font. Below this, it says "Running alignment job for 11s" with a circular progress indicator.

## PASSO 6 – interpretação das saídas

A ferramenta de Alinhamento Múltiplo proporciona ao usuário diferentes abordagens a depender do objetivo da pesquisa

Foi selecionado alguns parâmetros para demonstrar algumas dessas abordagens

Inicialmente optamos por estudar o motivo conservado entre as proteínas o qual tem relação com a funcionalidade da proteína e conseguimos perceber a existência deste em todas as sequencias analisadas

[illegible]

## Motivo