



GENÉTICA NO COTIDIANO

Material de apoio para o curso

Organizador: Enéas Ricardo Konzen

G328

Genética no cotidiano. Material de apoio para o curso/
Enéas Ricardo Konzen – Organizador.

Diagramação: Ana Carolina Nardini Cabral e
coordenação de Marlise Bock Santos.

NAPEAD - Núcleo de Apoio Pedagógico à Educação à Distância

Imbé - RS: 2024.

112 p. ; il. color. Recurso eletrônico.

1. Genética. 2. Educação Básica. 3. Konzen, Enéas Ricardo.
I. Cabral, Ana Carolina Nardini. II. Santos, Marlise Bock.
III. Título.

CDU 575(816.5)

Ismael Cabral – CRB10/2484

Módulo 3

Autores:

Luísa Bertolini,

Kevin Stacke Christmann,

Kaliana Ferreira e

Enéas Ricardo Konzen.

MÓDULO 3

COMO REALIZAR ANÁLISES DE PARENTESCO?

O que é uma filogenia?

Até agora você teve algumas noções sobre a origem dos seres vivos e o motivo básico pelo qual existem tantas espécies diferentes. Mas vamos detalhar um pouco mais, pois é importante entender como os diversos organismos podem ser entendidos do ponto de vista das relações de parentesco entre si.

As relações de parentesco podem ser representadas através de uma **filogenia ou árvore filogenética**. Por filogenia entende-se a representação das relações evolutivas entre seres vivos, as quais são construídas a partir de comparações entre padrões de semelhança e divergência entre os seres dentro de uma **ÁRVORE FILOGENÉTICA**, contendo nós ligados por ramos. Os ramos representam a persistência de uma linhagem genética ao longo do tempo, e os nós indicam o nascimento de uma linhagem (Figura 3.1).

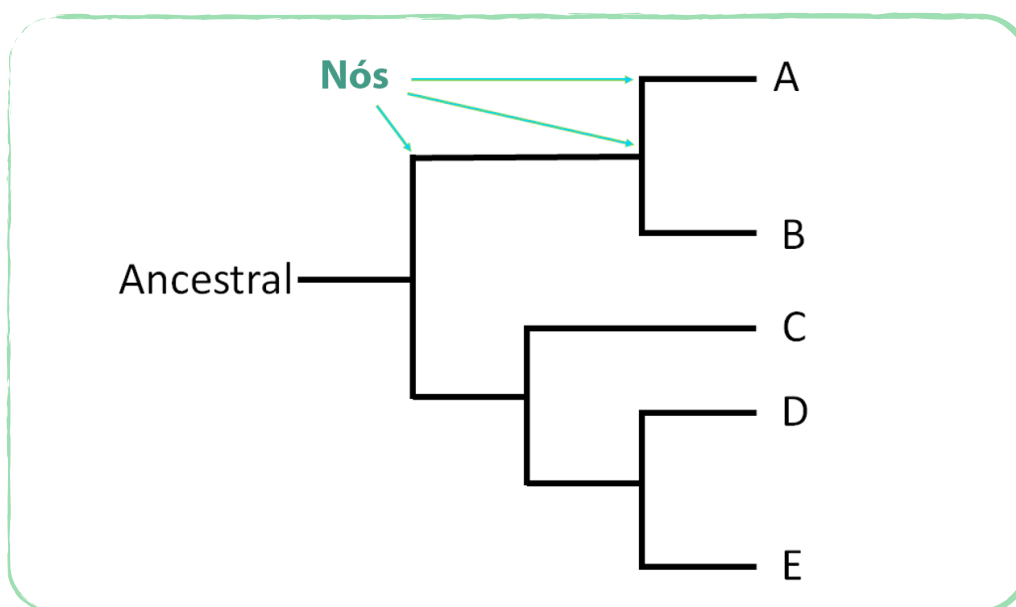


Figura 3.1 - Esquema geral de uma filogenia.

Muitos anos atrás, antes das análises de DNA e proteínas, filogenias eram construídas com base em características morfológicas. Até os anos 1960 não estavam disponíveis ainda sequências de proteínas e de DNA que pudessem ser utilizadas para examinar relações de parentesco. Assim, características como o tamanho corporal, comprimento de ossos de fósseis, tipologias e dimensões de crânios, dentre outras características de

diversos seres vivos, eram utilizadas para identificar semelhanças e diferenças entre as espécies, procurando-se estabelecer relações de parentesco.

Atualmente é possível realizar análises moleculares e comparar sequências das “letras” do DNA, ou as sequências de aminoácidos codificadas por genes, de maneira direta. É muito mais simples, e relativamente muito mais barato, obter sequências e analisá-las em um computador, através de algoritmos e/ou programas específicos. Mas como fazemos uma análise de sequências de DNA ou aminoácidos e que permite construir uma árvore filogenética?

Mutações, seus tipos e as filogenias

Sabemos que o DNA de qualquer ser vivo sofre mutações ao longo do tempo. **A ocorrência de mutação é uma condição primária para originar novas variações genéticas. A existência de variação genética é fundamental para a evolução dos seres vivos no meio em que vivem.** Mutações se originam a partir de erros de duplicação do DNA, que precedem a divisão celular (isso nós já vimos no capítulo anterior, mas sempre vale lembrar). Quando esses erros ocorrem durante a meiose (a divisão celular que origina os gametas), são distribuídos entre os gametas e podem passar às próximas gerações. Muitas dessas mutações não têm um efeito sobre o fenótipo, assim não prejudicam a vida de um novo organismo. No entanto, algumas mutações podem acontecer dentro de genes fundamentais para o correto funcionamento de um organismo ou até mesmo para a sua sobrevivência. Se forem transmitidos à prole, podem prejudicar a manutenção de uma linhagem. Assim, a evolução aconteceu, acontece, e continuará acontecendo.

Ao longo da evolução, diversas mutações foram se acumulando, alterando, duplicando, triplicando. Até mesmo cópias inteiras de genes foram produzidas ou eliminadas. Essas mutações aconteceram em um ambiente em transformação gradativa: mudanças na temperatura da água e dos continentes, mudanças climáticas generalizadas ou locais, etc. Algumas mutações deram origem **a formas mais aptas a sobreviver ao ambiente em que estavam (aqui podemos falar no conceito de seleção natural)**. Assim, mutações acontecendo geraram novos indivíduos, novas populações, espécies. As mutações diversificaram a vida; enquanto a **seleção natural** e outros processos permitiram que algumas espécies se expandissem e outras fossem extintas. Toda essa história está marcada no DNA. Quando comparamos espécies muito parecidas, tais como entre o feijão e a soja, entre espécies de primatas, entre espécies de insetos, etc., há frequentemente menos diferenças entre as sequências de DNA e de proteínas, do que quando comparamos sequências entre uma planta e um animal, entre o ser humano e

uma bactéria, entre um camundongo e um cogumelo. Quando os cientistas começaram a obter sequências em laboratório, foi possível desenvolver modelos evolutivos que tentassem explicar a divergência entre as espécies.

Ao estudar mutações, é possível categorizá-las segundo dois pontos de vista. **Primeiro, em relação ao tipo de nucleotídeo (purina ou pirimidina) que é substituído. Para este caso, duas categorias são possíveis:**

- **Transição:** substituições entre duas purinas (A- adenina - e G - guanina) ou entre duas pirimidinas (C – citosina – e T – timina).
- **Transversões:** substituições de uma purina (A e G) por uma pirimidina (C e T) ou vice-versa.

A segunda maneira de categorizar mutações analisa os possíveis impactos dessas mutações na sequência de aminoácidos que é codificada por um gene (Figura 3.2):

- **Mutação silenciosa ou sinônima:** alteração no DNA não altera a sequência de aminoácidos, ou seja, a proteína continuará intacta em termos de sequência;
- **Mutação de sentido errado (não sinônima):** alteração no DNA ALTERA aminoácido na cadeia polipeptídica, ou seja, a proteína terá uma sequência diferente, pelo menos neste aminoácido que será trocado por outro;
- **Mutação sem sentido:** causa o aparecimento de um códon de terminação no RNA mensageiro, impedindo a síntese completa da cadeia polipeptídica.

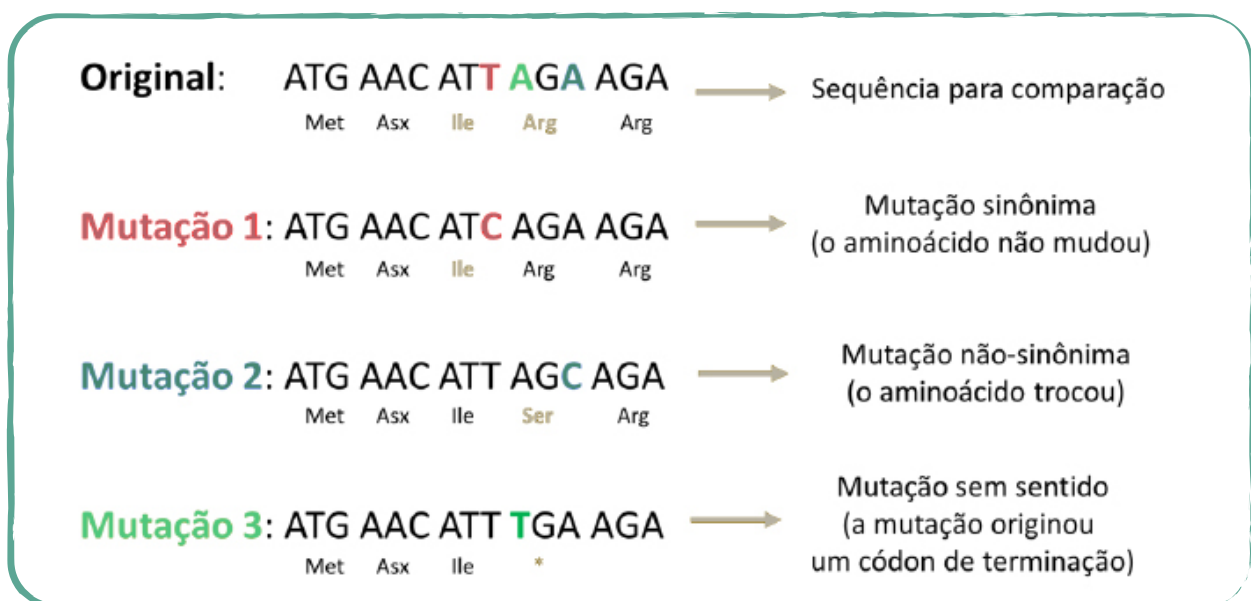


Figura 3.2 - Os tipos de mutações em nível de aminoácidos.

O número de mutações que vão sendo acumuladas tende a ser proporcional ao tempo de divergência de duas espécies que surgiram de um ancestral comum. Isso pode ser encarado como um **RELÓGIO MOLECULAR**. Sendo assim, analisa-se estas mutações, que permitem inferir o processo evolutivo dos organismos comparados através de modelos evolutivos específicos. Há numerosos tipos de modelos, mas aqui não vamos trabalhar com tanto detalhamento, pois envolve conhecimentos além do propósito deste material.

A partir dos modelos evolutivos, podemos construir árvores filogenéticas. Também existem vários métodos para isso. Aqui vamos destacar um método baseado em uma medida de distância numérica, que se vale do teorema de Pitágoras, da matemática. O método utiliza comparações par a par de distâncias (baseadas no número de mutações) entre diferentes sequências estudadas para construir uma árvore. Assim, quanto menor a distância entre duas espécies, mais próximas estarão na árvore. O contrário também é verdadeiro. Note, no entanto, que são distâncias baseadas nas sequências que estão disponíveis. Dependendo da sequência, isso pode mudar. Inclusive as relações de parentesco. Lembre-se bem: são métodos que nos auxiliam a entender relações de parentesco, mas podem não reproduzir a realidade perfeitamente, especialmente para organismos fósseis.

Veremos a seguir como é possível construir árvores filogenéticas computacionalmente com o auxílio de programas específicos. As árvores serão construídas com base em sequências de nucleotídeos disponíveis em bancos de dados públicos. As demonstrações e procedimentos são apresentados apenas para finalidade didática, de modo que você possa aprender as bases da filogenia molecular, ou seja, baseada em sequências de DNA ou de aminoácidos (proteína).

Uma **breve** explicação sobre reconstrução filogenética

Ao construir uma filogenia com base em sequências de nucleotídeos ou aminoácidos, um cientista na verdade está realizando uma reconstrução filogenética, pois está inferindo relações de parentesco baseadas em dados de sequências. Para tanto, alguns passos essenciais devem ser seguidos (você fará isso na prática logo em seguida):

1. **Alinhamento de sequências:** consiste em um conjunto de procedimentos computacionais que visam verificar quais partes de uma sequência são similares ou até mesmo

idênticas a outras sequências que estejam sendo comparadas. Ao longo do alinhamento, diferenças que existirem entre sequências serão detectadas, inclusive em relação ao tamanho das sequências. Assim, no final, teremos um conjunto de sequências alinhado por suas regiões similares, mas também permitindo comparar as diferenças entre si.

2. Identificação de um modelo adequado para explicar as mutações que existem no seu conjunto de sequências: isso não faremos aqui, pois como dito anteriormente, modelos evolutivos são complexos e vão além do propósito deste material. Mas para ressaltar, trata-se de encontrar um modelo de mutações que melhor explica o seu conjunto de sequências. A partir desse modelo, será possível testar com maior precisão o método de reconstrução filogenética.

3. Reconstrução filogenética: método que fará a construção da árvore em si, baseando-se no modelo evolutivo e nos princípios matemáticos que regem o cálculo das similaridades ou diferenças que existem entre as sequências que estão sendo utilizadas. Como tratamos no tópico anterior, estaremos utilizando um modelo baseado em distância, ou seja, um valor numérico. Quanto maior esse valor, mais mutações ou diferenças existem entre as espécies sendo comparadas.

4. Avaliação da precisão dos ramos e nós: a construção de árvores por algoritmos diversos pode dar diferenças na composição dos ramos e nós, ou seja, nem sempre se eu fizer a árvore em um computador, terei o mesmo resultado que em outro. Ou se fizer a árvore duas vezes, poderei ter algumas diferenças entre as duas vezes que o programa foi utilizado para construir as árvores. Podem ser poucas diferenças, mas que para um cientista podem ser muito importantes ao estudar processos evolutivos. Não faremos isso aqui também, pois há muitos aspectos que estão além do propósito do material, mais uma vez. Mas é importante que você tenha essa primeira noção sobre o que geralmente é feito.

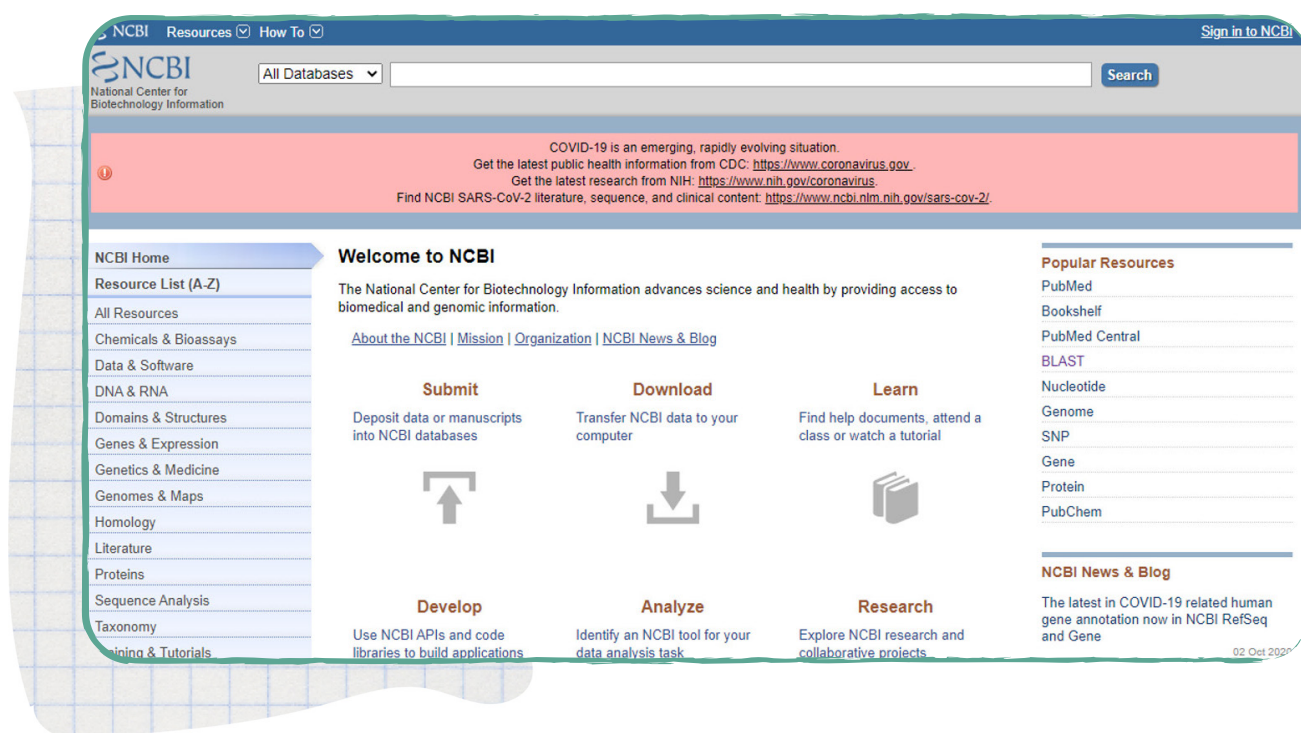
ATIVIDADE DO CAPÍTULO

Com estas informações, seguimos à atividade proposta para este capítulo. Você buscará sequências de nucleotídeos em bancos de dados públicos da Internet e depois poderá construir sua própria árvore filogenética.

COMO FAZER UMA ANÁLISE FILOGENÉTICA UTILIZANDO SEQUÊNCIAS DE NUCLEOTÍDEOS?

PRIMEIRA ETAPA: BUSCA DE SEQUÊNCIAS EM FORMATO FASTA

1. Inicie procurando sequências no site do NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, em que você acessará o GenBank. Esse site consiste em um banco de dados que contém sequências de DNA, RNA e proteínas, de acesso público. Os cientistas depositam sequências que obtêm em laboratório todos os dias. Durante a pandemia do novo coronavírus, nunca foi tão importante sequenciar o material genético do vírus e o disponibilizar imediatamente. Assim os cientistas puderam criar vacinas e estudar a origem do coronavírus, além de muitas outras importantes descobertas realizadas. Para acessar o banco de dados utilize o link acima. Aparecerá uma tela como a seguir.



Uma maneira de acessar conjuntos de sequências é procurar por conjuntos populacionais, que são chamados de ‘popsets’ no NCBI. Para tal, digite o nome de uma espécie, como *Tursiops truncatus* (golfinho ou boto que ocorre no litoral brasileiro) na aba de consulta principal do NCBI. Em vermelho, você encontra destacado o botão “PopSet”. Clique nele.

COVID-19 is an emerging, rapidly evolving situation.
 Get the latest public health information from CDC: <https://www.coronavirus.gov>.
 Get the latest research from NIH: <https://www.nih.gov/coronavirus>.
 Find NCBI SARS-CoV-2 literature, sequence, and clinical content: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sars-cov-2/>.

Search NCBI Search

Results found in 7 databases

Literature	Genes	Proteins
Bookshelf 0	Gene 10	Conserved Domains 0
MeSH 0	GEO DataSets 0	Identical Protein Groups 1
NLM Catalog 0	GEO Profiles 0	Protein 89
PubMed 1	HomoloGene 0	Protein Clusters 0
PubMed Central 49	PopSet 1	Sparcle 0

2. Procure seqüências no formato FASTA. FASTA é um formato de arquivo utilizado na área da bioinformática, que apresenta e delimita seqüências de nucleotídeos e proteínas para espécimes que foram seqüenciados. A representação desse formato é definida por um cabeçalho iniciado pelo caractere “>”, seguido pela identificação da seqüência (um código único para a seqüência, nome da espécie, nome da amostra, detalhes específicos sobre o tipo de seqüência) por uma seqüência de aminoácidos ou nucleotídeos nas linhas posteriores.

GenBank Send to:

PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA

NCBI Reference Sequence: XR_004524344.1

FASTA [Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS XR_004524344 1869 bp rRNA linear MAM 27-APR-2020
 DEFINITION PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA.
 ACCESSION XR_004524344
 VERSION XR_004524344.1
 DBLINK BioProject: [PRJNA625792](#)
 KEYWORDS RefSeq.
 SOURCE Tursiops truncatus (common bottlenose dolphin)
 ORGANISM [Tursiops truncatus](#)
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Artiodactyla; Whippomorpha; Cetacea; Odontoceti; Delphinidae; Tursiops.
 COMMENT MODEL REFSEQ: This record is predicted by automated computational analysis. This record is derived from a genomic sequence ([NC_047054.1](#)) annotated using gene prediction method: cmsearch.
 Also see: [Documentation](#) of NCBI's Annotation Process

##Genome-Annotation-Data-START##
 Annotation Provider :: NCBI
 Annotation Status :: Full annotation
 Annotation Name :: [Tursiops truncatus Annotation Release 102](#)
 Annotation Version :: 102
 Annotation Pipeline :: NCBI eukaryotic genome annotation

Analyze this sequence
 Run BLAST
 Pick Primers
 Highlight Sequence Features
 Find in this Sequence
 Show in Genome Data Viewer

More about the gene LOC117310089
 LOC117310089 gene

Related information
 BioProject
 Taxonomy
 Annotated Genomic
 Gene

3. Quando abrir a página com as sequências em formato FASTA, selecione e copie algumas ou todas as sequências. Transfira (cole) as sequências em um arquivo do aplicativo BLOCO DE NOTAS do seu computador.

FASTA ▾ Send to: ▾

PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA

NCBI Reference Sequence: XR_004524344.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

>XR_004524344.1 PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA
TACCTGGTTGATCCTGCCAGTAGCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCAATGCTAAAGTACGCACG
GCCCGTACAGTGAAGTCCGAAATGGCTCATTAATCAGTTATGGTTCTTTGGTCGCTCCCTCTCTCT
ACTTGGATAACTGTGGTAATCTAGAGCTAATACATGCCGACGGGCGCTGACCCCTTCGCGGGGGGAT
GCTGATTTATCAGATCAAAACCAACCAGTCCAGCTCCCTCCGGCCCGCCGGGGGGGCGGGCGCGG
CGGCTTTGGTGACTTAGATAAACCCTGGGCGGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGCCATTGAAAC
GTCTGCCCTATCAACTTTTCGATGGTGTAGTCCGCTGCTACCATGGTGACACGGGTGACGGGGAATCAGG
GTTGATTCCGGAGAGGGAGCTGAGAAACGGCTACCAATCCAAAGAAAGGACAGGCGCAAAATAC
CCAATCCCAGCCGGGAGGTAGTGACAAAAATAACAATACAGGACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGA
ATGAGTCCACTTTAAATCCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCACAGCCGCGGTAAAT
TCCAGCTCCAATAGCTATATTAAGTGTGCAAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGGGAGCGGGCG
GGCGGTCGCGCGGAGGCGAGCCACCGCCGTCGCCGCCCTTGGCTCTCGGCGCCCTCGATGCTCT
AGCTGAGTGTCCCGGGGGCCGAAGGCTTACTTTGAAAAAATAGAGTGTCAAAGCAGGCGCGAGCC
GCCTGGATACCGCAGTAAAGAAATAGGAATAGGACCGGCTTCTATTTGGTTTCGGAACGAGG
CCATGATTAAGAGGACGGCGGGGGCATTGATATGCGCGCTAGAGGTGAAATCTTGGACGGCGCA
AGACGGACAGAGGAAAGCATTGCGCAAGATGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTGGAGGTTGCA
GACGATCAGATACCGTGTAGTCCGACATAAACGATGCCGACTGGCGATGCGGGCGCTATTCCCAAT
GACCCGCGGGCAGCTTCCGGAAACCAAGACTTTGGGTTCCGGGGGAGATGGTTGCAAAAGTGA
CTTAAGGAAATGACGGAAAGGACCAACGAGGATGGAGCTGCGGCTTAATTTGACTCAACCGGGA
CTCACCCGGCCGGACAGGACGAGGATGACAGATTGATAGCTCTTCTGATTCCTGGGTTGGTGGT
CATGGCCGTTCTAGTTGGTGGAGCATTGTCTGGTAAATCCGATAACGACGAGACTTGGCATGCT
AACTAGTTACGCGACCCCGAGCGGTCGGCTCCCAACTCTTAGAGGGACAAGTGGGTTGCAAGCT
CCGAGATTGAGCAATAACAGGCTGTGTAGTCCCTAGATGTCGGGGCTGCACGCGCTACACTGACTG
GCTCAGCGTGTGCTACCTACGCGGACGGGTAACCCGTTGAACCCATTCGTGATGGGATCG
GGATTCGAATATTCCCAATGAACGAGGAAATCCGAAAGTGGGATGATAGCTTGGTGTGATTAAG
TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCGCTGCTACTACCGATTGGATGGTTAGTAGGGCCCTCGATCGC
CCCGCGGGTGGCCACCGCCCTGGCGAGCGCTGAGAGACGGTGAACCTTGAATCTAGAGGAAG
TAAAAGTGTAAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAA

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Show in Genome Data Viewer

More about the gene LOC117310089

LOC117310089 gene

Related information

BioProject

Taxonomy

Annotated Genomic

Gene

Recent activity

Turn Off Clear

FASTA ▾ Send to: ▾

PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA

NCBI Reference Sequence: XR_004524344.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

>XR_004524344.1 PREDICTED: Tursiops truncatus 18S ribosomal RNA (LOC117310089), rRNA
TACCTGGTTGATCCTGCCAGTAGCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCAATGCTAAAGTACGCACG
GCCCGTACAGTGAAGTCCGAAATGGCTCATTAATCAGTTATGGTTCTTTGGTCGCTCCCTCTCTCT
ACTTGGATAACTGTGGTAATCTAGAGCTAATACATGCCGACGGGCGCTGACCCCTTCGCGGGGGGAT
GCTGATTTATCAGATCAAAACCAACCAGTCCAGCTCCCTCCGGCCCGCCGGGGGGGCGGGCGCGG
CGGCTTTGGTGACTTAGATAAACCCTGGGCGGATCGCAEGCCCGCTGGCGGCGACGCCATTGAAAC
GTCTGCCCTATCAACTTTTCGATGGTGTAGTCCGCTGCTACCATGGTGACACGGGTGACGGGGAATCAGG
GTTGATTCCGGAGAGGGAGCTGAGAAACGGCTACCAATCCAAAGAAAGGACAGGCGCAAAATAC
CCAATCCCAGCCGGGAGGTAGTGACAAAAATAACAATACAGGACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGA
ATGAGTCCACTTTAAATCCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCACAGCCGCGGTAAAT
TCCAGCTCCAATAGCTATATTAAGTGTGCAAGTTAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGGGAGCGGGCG
GGCGGTCGCGCGGAGGCGAGCCACCGCCGTCGCCGCCCTTGGCTCTCGGCGCCCTCGATGCTCT
AGCTGAGTGTCCCGGGGGCCGAAGGCTTACTTTGAAAAAATAGAGTGTCAAAGCAGGCGCGAGCC
GCCTGGATACCGCAGTAAAGAAATAGGAATAGGACCGGCTTCTATTTGGTTTCGGAACGAGG
CCATGATTAAGAGGACGGCGGGGGCATTGATATGCGCGCTAGAGGTGAAATCTTGGACCGGCGCA
AGACGGACAGAGGAAAGCATTGCGCAAGATGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTGGAGGTTGCA
GACGATCAGATACCGTGTAGTCCGACATAAACGATGCCGACTGGCGATGCGGGCGGCTATTCCCAAT
GACCCGCGGGCAGCTTCCGGAAACCAAGACTTTGGGTTCCGGGGGAGATGGTTGCAAAAGTGA
CTTAAGGAAATGACGGAAAGGACCAACGAGGATGGAGCTGCGGCTTAATTTGACTCAACCGGGA
CTCACCCGGCCGGACAGGACGAGGATGACAGATTGATAGCTCTTCTGATTCCTGGGTTGGTGGT
CATGGCCGTTCTAGTTGGTGGAGCATTGTCTGGTAAATCCGATAACGACGAGACTTGGCATGCT
AACTAGTTACGCGACCCCGAGCGGTCGGCTCCCAACTCTTAGAGGGACAAGTGGGTTGCAAGCT
CCGAGATTGAGCAATAACAGGCTGTGTAGTCCCTAGATGTCGGGGCTGCACGCGCTACACTGACTG
GCTCAGCGTGTGCTACCTACGCGGACGGGTAACCCGTTGAACCCATTCGTGATGGGATCG
GGATTCGAATATTCCCAATGAACGAGGAAATCCGAAAGTGGGATGATAGCTTGGTGTGATTAAG
TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCGCTGCTACTACCGATTGGATGGTTAGTAGGGCCCTCGATCGC
CCCGCGGGTGGCCACCGCCCTGGCGAGCGCTGAGAGACGGTGAACCTTGAATCTAGAGGAAG
TAAAAGTGTAAACAAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAA

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Show in Genome Data Viewer

More about the gene LOC117310089

LOC117310089 gene

Related information

BioProject

Taxonomy

Annotated Genomic

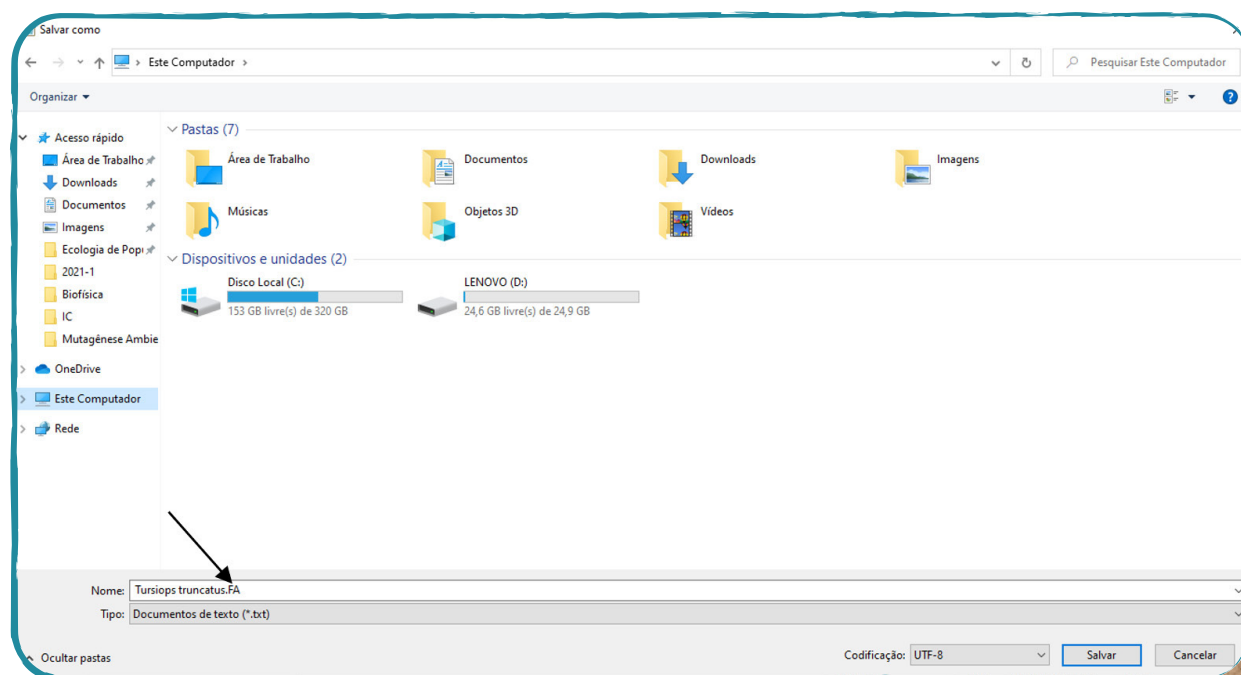
Gene

Recent activity

Turn Off Clear

PREDICTED: Tursiops truncatus 18S

4. Salve o arquivo em formato FASTA. Para isso adicione .FA no final do nome do arquivo, como é demonstrado abaixo. Por exemplo: botos.FA



SEGUNDA ETAPA: ALINHAMENTO DAS SEQUÊNCIAS

Até agora, você aprendeu como realizar as buscas das sequências de espécies em bancos de dados que contém sequências de DNA, RNA e proteínas. As próximas etapas serão focadas em como alinhar as sequências obtidas, uma maneira de organizá-las, de modo que nucleotídeos (ou aminoácidos, se for o caso) idênticos entre sequências ocupem a mesma posição e que aqueles nucleotídeos que forem diferentes, assim como grupos de nucleotídeos que diferenciem em tamanho as sequências, possam ser identificados. Com isso, é possível comparar as sequências e, por fim, construir árvores filogenéticas.

Nossas análises serão feitas através do programa Mega 11 (<https://www.megasoftware.net/>), que pode ser baixado e instalado no seu computador. Esse programa permite a realização de alinhamentos de sequências usando algoritmos (estratégias computacionais) diferentes.

Para tanto, apresentamos uma demonstração utilizando como exemplo sequências dos organismos estudados no tópico anterior (ser humano, tartaruga, chimpanzé, bactéria, galinha, sapo, peixe, *Arabidopsis*, baleia, uva, golfinho e alga).

Você pode seguir essa demonstração, utilizando as sequências:

>Ser humano - Homo sapiens

```
TTTGGTGACTCTAGATAACCTCGGGCCGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGACCCGCATTCGAACGTCT
GCCCTATACAACCTTCGATGGTAGTCGCTGTGCCTACCATGGTGACCACGGGTGACGCGGGATCGGGTTC
GATTCGCGGAGAGGGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAC
TCCCAGCGGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACACTTTCGAAGCCCTGTATTGGAATGA
GTCCACTTTAAATCCGCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTCCA
GCTCCATACGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGTTGATCTTGAGAGCCGGCGGGCG
GTCCGCGCGAGGCGAGCCACCGCCCTCCCGCCCTTGCCCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAGCT
GAG
```

>Chimpanze - Pan troglodytes

```
TTTGGTGACTCTAGATAACCTCGGGCCGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGACCCGCATTCGAACGTCT
GCCCTATACAACCTTCGATGGTAGTCGCTGTGCCTACCATGGTGACCACGGGTGACGCGGGATCGGGTTC
GATTCGCGGAGAGGGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAC
TCCCAGCGGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACACTTTCGAAGCCCTGTATTGGAATGA
GTCCACTTTAAATCCCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTCCA
GCTCCATACGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGTTGATCTTGAGAGCCGGCGGGCG
GTCCGCGCGAGGCGAGCCACCGCCCTCCCGCCCTTGCCCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAGCT
GAG
```

>Boto - Tursiops truncatus

```
TTTGGTGACTCTAGATAACCTCGGGCCGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGACCCATTCGAACGTCT
GCCCTATACAACCTTCGATGGTAGTCGCTGTGCCTACCATGGTGACCACGGGTGACGGGAATCAGGGTTC
GATTCGCGGAGAGGGACCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAC
TCCCAGCCCCGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGAATGA
GTCCACTTTAAATCCCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTCCA
GCTCCAAATAGCGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGAGAGCCGGCGGGCG
GTCCGCGCGAGGCGAGCCACCGCCCTCCCGCCCTTGCCCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAGCT
GAG
```

>Orca - Orcinus orca

```
TTTGGTGACTCTAGATAACCTCGGGCCGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGACCCCTTCGAACGTCT
GCCCTATACAACCTTCGATGGTAGTCGCTGTGCCTACCATGGTGACCACGGGTGACGGGAATCAGGGTTC
GATTCGCGGAGAGGGAGCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAC
TCCCAGCCCCGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGAATGA
GTCCACTTTAGAAATCCCTTTCGCGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAATTCCA
GCTCCAAATAGCGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGAGAGCCGGCGGGCG
GTCCGCGCGAGGCGAGCCACCGCCCTCCCGCCCTTGCCCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAGCT
GAG
```

>Tartaruga - Caretta caretta

```
CGACTAGCGATCCCGCGCGTATTCCCATGACCCGCCGGCAGCTTACGGGAAACCAAAGTCTTTGGGTTCCGGGGGA
GTATGGTTGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCA
ACACGGGAAACCTCACCCGCCCGGACACGGAAGGATTGACAGATTGATAGCTCTTTCTCGATTCTGTGGGTGGTGGTG
CATGGCCGTCTTAGTTGGTGGAGCGATTTGCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTGGCATGCTAACTAGTTAT
GCGACCCCCGAGCGGTGCGGCTCAACTCTTAGAGGGACAAGTGGCGTTCAGCCACCCGAGATTGAGCAATAACAGGTC
TGTGATGCCCTTAGATGTCGGGGTGCACGCGCTCCTGCCAGTAGCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATG
TCTAAGTACACACGGGCGGTACAGGCGTCCGAATGGCTATTAAATCAGTTATGGTTCCTTTGGTTCGCTCCCTCCCGTG
CGTGGATAACTGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCCGACGAGCGCCGACTCCGGGGACGCGTGCATTTATCAGACCA
AAACCAACCCGGGCTCGCCCGCGGCTTTGGTGAC
TCTAGATAACCTCGAGCCGATCGCACGCCCCCGTGGCGGCGACGACCCATTCGAATGTCTGCCCTATCAACTTTCGATGG
TACTGTCTGTGCCTACCATGGTGACCACGGGTAACGGGGAATCAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT
ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCACTCCCGACCCGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAG
GACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGAATGAGTCCACTTTAAATCCCTTAAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
CAGCAGCCCGGTAATTCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTTGGAT
CGAGCTGGCCGCTCGCCGCGAGGCGACTACCGCCTGTCCAGCCCTGTCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAACTG
AGTGTCCCGGGGCGGAGGCTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCTGGCCCGGAACTACTCCAGCT
AGGAATAATGGAATAGGACTCCGGTCTATTTTGTGGTTTTTCGAAACGGGGCCATGATTAAGAGGACGCGCGGGGGC
ATTCTGATTTGTGCCGCTAGAGTGAAATCTTGGACCGCGCAAGACGAACTAAAGCGAAAGCATTTCGCAAGAATGTTT
TCATTAATCAAGAACGAAAGTCGAGGTTTCGAAGACGATCAGATACCGTCTGATTTCCGACCATAAACGATGCCGACTCG
CGATCCGGCGGCTTATTTCCATGACCCGCCGGCAGCTCCCGGAAACCAAGTCTTTGGGTTCCGGGGGAGTATGGT
TGCAAAGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACCGGG
AAACCTCACCCGGCCGACACGGACAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTCTCGATTCCGTTGGTGGTGGTGCATGGCC
GTTCTTAGTTGGTGGAGCATTGTCTGGTTAATCCGATAACGAACGAGACTCTGGCATGCTAACTAGTTACGCGACCC
```


CCGAGCGGTGCGCGTCCAACCTCTTAGAGGGACAAGTGCAGCGTTCAGCCACCCGAGATTGAGCAATAACAGGTCTGTGAT
GCGCCTTAGATGTCCGGGGTGCACGCGCGTACTGACTGGCTCAGCTTGTGTCTACCCTACGCCGGCAGGCGCGGGT
AACCCGTTGAACCCCATTCGTGATGGGGATCGGGGATTGCAATTATTCGCCATGAACGAGGAATCCCAGTAAGTCCGGG
TCATAAGCTCGCGTTGATTAAGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCTACTACCGATTGGATGGTTTGTAGTGGT
CCTCGGATCGGCCCCGGGGGGTTCGGCCACGGCCCTGCCGGAGCGTGCAGAAAGACGGTGAACCTTGACTATCTAGAGGAA
GTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCA

>Peixe - *Liza subviridis*

AAGCCATGCAAGTCTAAGTACACACGGCCGGTACAGTGAACCTGCGAATGGCTCATTAATCAGTTATGGTTCCCTTTGAT
CGCTCTCACGTTACTTGGATAACTGTGGCAATTCAGAGCTAATACATGCAAACGAGCGCTGACCTCCGGGGATGCGTGC
ATTTATCAGACCCAAAACCCATGCGGGGTGGCCCTCGGGGCGCCCCGGCCGCTTTGGTACTCTAGATAACCTCGAGCC
GATCGCTGGCCCTGGTGGCGGCAGCTCTCATTGCAATGCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTACTTTACGTGCCTACC
ATGGTGACCACGGTAACGGGGAAATCAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAG
CAGCAGGCGCGCAAATTAACCCACTCCCGACTCGGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACTCTTTTCGAGCCCT
GTAATTGGAATGAGTACACTTTAAATCCTTTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGTAAT
CCAGCTCCAATAGCGTATCTTAAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTCGGGATCGAGCTGACGGTCCGCC
GCGAGGCGAGCTACCGTCTGTCCAGCCCTGCCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAGCTGAGTGTCCCGGGGTCC
GAAGCGTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTCAAAGCAGGCCCGGCTGCCTGAATACCGCAGCTAGGAATAATGGAATAG
GACTCCGGTCTATTTTGTGGTCTTCTCTGAACTGGGGCCATGATTAAGAGGGACGGCCGGGGCATTCTGATTGTG
CCGCTAGAGGTGAAATCTTGACCGCGCAAGACGGACGAAAGCGAAAGCATTGCCAAGAATGTTTTCATTAATCAAG
AACGAAAGTCGGAGGTTGCAAGACGATCAGATACCGTCTAGTTCGGACCATAAACGATGCCAACTAGCGATCCGGCGGC
GTTATTTCCATGACCCGCGGGCAGCTCCGGGAAACCAAGTCTTTGGGTTCGGGGGGAGTATGGTTGCAAGCTGAA
ACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACACCAGGAGTGGAGCCTCGCGCTTAATTTGACTCAACACGGGAAACCTCACCCG
GCCCCGACACGGAAGGATTGACAGATTGATAGCTCTTCTCGATTCTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGG
TGGAGCGATTGTCTGGTTAATTCGATAACGAACGAGACTCCGGCATGCTAAATAGTTACGCGGCCCCGTCGCGTCCGGC
GTCCAACCTCTTAGAGGGACAAGTGGCGTTCAGCCACACGAGATTGAGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGATGTCC
GGGGTGCACGCGGCCACACTGAGCGGACAGCGTGTGTCTACCCTTCGCCGAGAGCGTGGGTAACCCGCTGAACCC
ACTCGTGATAGGATTGGGGATTGCAATTATTTCCATGAACGAGGAATCCCAGTAAGCGCGGGTACATAAGCTCGCGTT
GATTAAGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCTACTACCGATTGGATGGTTTGTAGTGGTCTCGGATCGGCCCC
GCCGAGTTCGTTACCGCCCTGCGGAGCGCCGAGAAGACGATCAAACCTTGACTATCTAGAGGAAGTAAAAAGTCGTAA

>Galinha - *Gallus gallus*

TCCTGCCAGTAGCATATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATGTCTAAGTACACACGGGCGGTACAGGCGTGCGAATG
GCTCATTAATCAGTTATGGTTCCCTTTGGTTCGCTCCCTCCCGTGCCTGATAACTGTGGTAATTTCTAGAGCTAATACAT
GCCGACGAGCGCGACCTCCGGGGACGCGTGCATTTATCAGACCAAAACCAACCCGGGCTCGCCCGCGCGCTTTGGTGAC
TCTAGATAACCTCGAGCCGATCGCACCCCCGTTGGCGGACGACCCATTGCAATGCTGCCCTATCAACTTTCGATGG
TACTGTCTGTGCTTACCATGGTACCACGGGTAACGGGAATCAGGTTTCGATTCCGGAGAGGAGCCTGAGAAACGGCT
ACCACATCCAAGGAAGCAGCAGCGCGCAAATTAACCCACTCCCGACCCGGGAGGTAGTGACAAAAATAACAATACAG
GACTCTTTCCAGGCCCTGTAATFGAATGAGTCCACTTTAAATCCTTTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
CAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGCTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTTGGGAT
CGAGCTGGCGGTCCGCGCGAGGCGAGCTACCGCTGTCCCAGCCCTGTCTCTCGGCGCCCCCTCGATGCTCTTAACTG
AGTGTCCCGCGGGCCGGAAGCGTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTCAAAGCAGGCTGGCCCGGGAATACTCCAGCT
AGGAATAATGGAATAGGACTCCGGTCTATTTTGTGGTTCGAAACGGGCGCATGATTAAGAGGGACGGCCGGGGGG
ATTCGTATTGTCCGCTAGAGGTGAAATTCCTGGACCGGCGCAAGACGAACATAAGCGAAAGCATTGCAAGAATGTTT
TCATTAATCAAGAACGAAAGTCGGAGTTCAAGACGATCAGATACCGTCTGATTTCCGACCATAAACGATGCCGACTCG
CGATCCGGCGCGGTTATTTCCACTGACCCCGCGGACGCTCCCGGAAACCAAGTCTTTGGGTTCGGGGGGGATGGT
TGCAAAAGTCAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGACACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGG
AAACCTCACCCGCGCCGACACGGACAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTCGATTCCGTGGGTGGTGGTGCATGGCC
GTTCTTAGTTGGTGGAGCGATTGTCTGTGTTAATTCGATAACGAACGAGACTCTGGCATGCTAACTAGTTACGCGACCC
CCGAGCGGTGCGCGTCCAACCTCTTAGAGGGACAAGTGCAGCTTCAGCCACCCGAGATTGAGCAATAACAGGTCTGTGAT
GCGCCTTAGATGTCCGGGGTGCACGCGCGTACTGACTGGCTCAGCTTGTGTCTACCCTACGCCGGCAGGCGCGGGT
AACCCGTTGAACCCCATTCGTGATGGGGATCGGGGATTGCAATTATTCGCCATGAACGAGGAATCCCAGTAAGTCCGGG
TCATAAGCTCGCGTTGATTAAGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCTACTACCGATTGGATGGTTTGTAGTGGT
CCTCGGATCGGCCCCGGGGGGTTCGGCCACGGCCCTGCCGGAGCGTGCAGAAAGACGGTGAACCTTGACTATCTAGAGGAA
GTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCA

>Arabeta - *Arabidopsis thaliana*

GATAACTCGACGGATCGCATGGCCCTCTGTGCTGGCGACGCATCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTC
GATGGTAGGATAGTGGCTACCATGGTGGTAACGGGTGACGGAGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGA
GCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTAACCAATCTGACACGGGGAG
GTAGTGACAATAAATAACAATACCGGCTCTTTTCGAGTCTGGTAATGGAATGAGTACAATCTAAATCCC
TTAACGAGGATCCATTGGAGGCAAGTCTGGTCCAGCAGCCGCGGTAATTCAGCTCCAATAGCGGTATA
TTTAAGTTGTTGCGATTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGATGGGTGCGCCGGTCCGCC

>Uva - *Vitis riparia*

TACCTGGTTGATCTGCCAGTAGTCTATGCTTGTCTCAAAGATTAAGCCATGCATGTGTAAGTATGAACTAATTCAGAC
TGTGAAACTGCAATGGCTCATTAATCAGTTATAGTTTGTGGTGGTATCTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTTCTA

GAGCTAATACGTGCAACAAACCCGACTTCTGGAAGGGATGCATTTATTAGATAAAAAGGTCGACGCGGGCTTTGCCGTT
GCTCTGATGATTCATGATAACTCGACGGATCGCACGGCCATCGTGCCGGCGACGCATCATTCAAATTTCTGCCCTATCAA
CTTTCGATGGTAGGATAGGGGCTACTATGGTATTGACGGGTGACGGAGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTG
AGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCTGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAAT
AACAAATACCGGGCTCTTTGAGTCTGGTAATTGGAATGAGTACAATCAAATCCCTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAAG
TCTGGTGCCAGCAGCCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAGTGTTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGAC
CTTGGGATGGGTGACCGGTCCGCCTCGCGTGTGCACCTGTGCCTCGTCCCTTCTACCGGGGATGCGCTCCTGGCCTT
AACTGGCCGGTTCGTGCCTCCGGTGTGTTACTTTGAAGAAATTAGAGTGTCAAAGCAAGCCTACGCTCTGGATACATT
AGCATGGGATAACATCATAGGATTTCCGGTCTATTCTGTTGGCCTTCGGGATCGGAGTAATGATTAACAGGGACAGTCCG
GGCATTTCGATTTTCATAGTCAGAGGTGAAATCTTGGATTTATGAAAGACGAACAACGCGAAAGCATTGGCAAGGAT
GTTTTTCAATTAACAAGAACGAAAGTTGGGGGCTCGAAGACGATCAGATACCGTCTTAGTCTCAACCATAAACGATGCCGA
CCAGGGATCAGCGGATGTTGCTTTTAGACTCCGCTGGCACCATTATGAGAAATCAAAGTTTTGGGTTCCGGGGGAGTA
TGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACA
CGGGAAACTTACCAGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGACTGAGAGCTCTTTCTTGATTCATGGGTGGTGGTCAT
GGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGCGATTGTCTGGTTAATCCGTTAACGAACGAGACCTCAGCCTGCTAACTAGCTATGTG
AAGGTGAGCCTCCGACGACGCTTCTTAGAGGGACTATGGCCGCTTAGGCCAAGGAAGTTGAGGCAATAACAGGTCTGT
GATGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCGCGCTACACTGATGTATTCAACGAGTCTATAGCCTTGGCCGACAGGCCCGG
GTAATCTTTGAAATTTTCATCGTATGGGGATAGATCATTGCAATTTGTTGGTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCGA
GTCATCAGCTCGCGTTGACTACGTCCTGCCCTTTGTACACACCGCCGTCGCTCCTACCGATTGAATGGTCCGGTGAAG
TGTTCCGATCGCGGCGAGTGGCGGTCGCGCCCGCGACGTCGCGAGAAGTCCACTGAACCTTATCATTTAGAGGAAG
GAGAATCGTAACAGGTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATG

>Alga - *Ruppia maritima*

TGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATAGTTTGTGGTGGTATTGCTACTCGGATAACCGTAGTAATTTCTA
GAGCTAATACGTGCAACAAACCCGACTTTTGAAGGGATGCATTTGTTAGATAAAAAGGTCGACGCGGGCTTTGCTCGT
TGTTCCGATGATTCATGATAACTGACGGATCGCATGGCCATAGTGCCGGCGACGCATCATTCAAATTTCTGCCCTATCA
ACTTTCGATGGTAGGATATTTGCCTACCATGGTGGTACGGGTGACGGGAGAAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCT
GAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCTGACACGGGGAGGTAGTGACAATAA
TAACAATACCGGGCTCTTCGATGTTGTAATGGAATGAGTACAATCAAATCCCTAACGAGGATCCATTGGAGGGCAA
GTCTGGTGCCAGCAGCCGGTAATCCAGTCCAATAGCGTATATTTAAGTGTTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGA
CCTTGGGTTGGTTCGATCGGTCGCTTGGTGTGCATCGGTGCGTTCCTTCTGCTGGTGTGCGCTTCCGTCTTAA
TTGGTCCGGTTCGCTTGGCGCTGTTACTTTGAAGAAATTAGAGTGTCAAAGCAAGCCTATGCTCTGCATACATTAG
CATGGGATAACATCACAGGATTTCCGTCCTATTTGTTGGCCTTCGGGATCGGAGTAATGATTAAGAGGGACAGTCCGGG
GCATTCGATTTTCATAGTCAGAGGTGAAATCTTGGATTTATGAAAGACGAACAACGCGAAAGCATTGGCAAGGATGT
TTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTGGGGGCTCGAAGACGATCAGATACCGTCTTAGTCTCAACCATAAACGATGCCGACC
AGGGATTGGCGGATGTTGCTTTTAGGACTTCGCCAGCACCTTTTGAGAAATCAAAGTTTTTGGGTTCCGGGGGAGTATG
GTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACG
GGGAACTTACCAGTCCAGACATAGTAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTCTTGATTCATGGGTGGTGGTGCATGG
CCGTTCTTAGTTGGTGGAGCGATTTGTCTGGTTAATCCGTTAACGAACGAGACCTCAGCCTGCTAACTAGCTATGCGAA
GGTAACCCCTTCGTGGCCAGCTTCTTAGAGGGACTATGGCCGCTTAGGCTACGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGA
TGCCCTTAGATGTTCTGGGCCGACGCGCGCTACACTGATGTATTCAACGAGTTTATAACCTTAGCCGATAGGCTTGGGT
AATCTTTGAAATTTTCATCGTATGGGGATAGATCATTGCAACTGTTGGTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGTGAG
TCATCAGCTCGCGTTGACTACGTCCTGCCCTTTGTACACACCGCCGTCGCTCCTACCGATTGAATGGTCCGGTGAAGT
GCTCGGATCGTGATGA

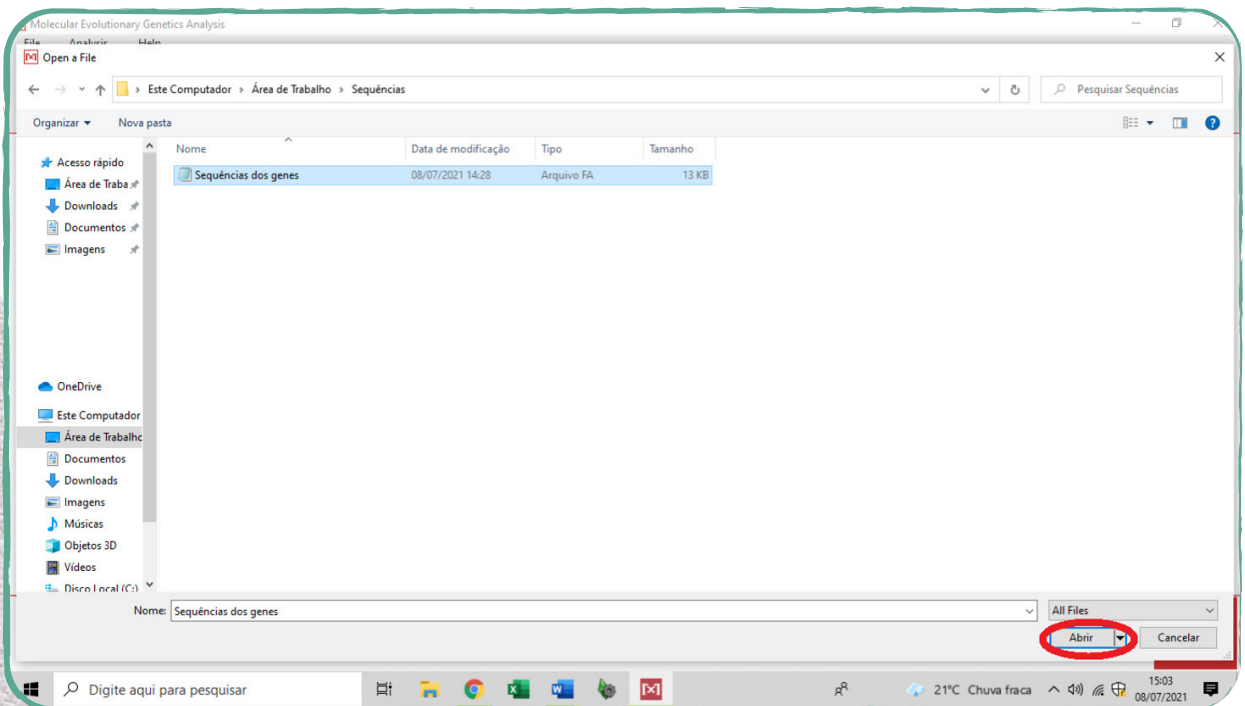
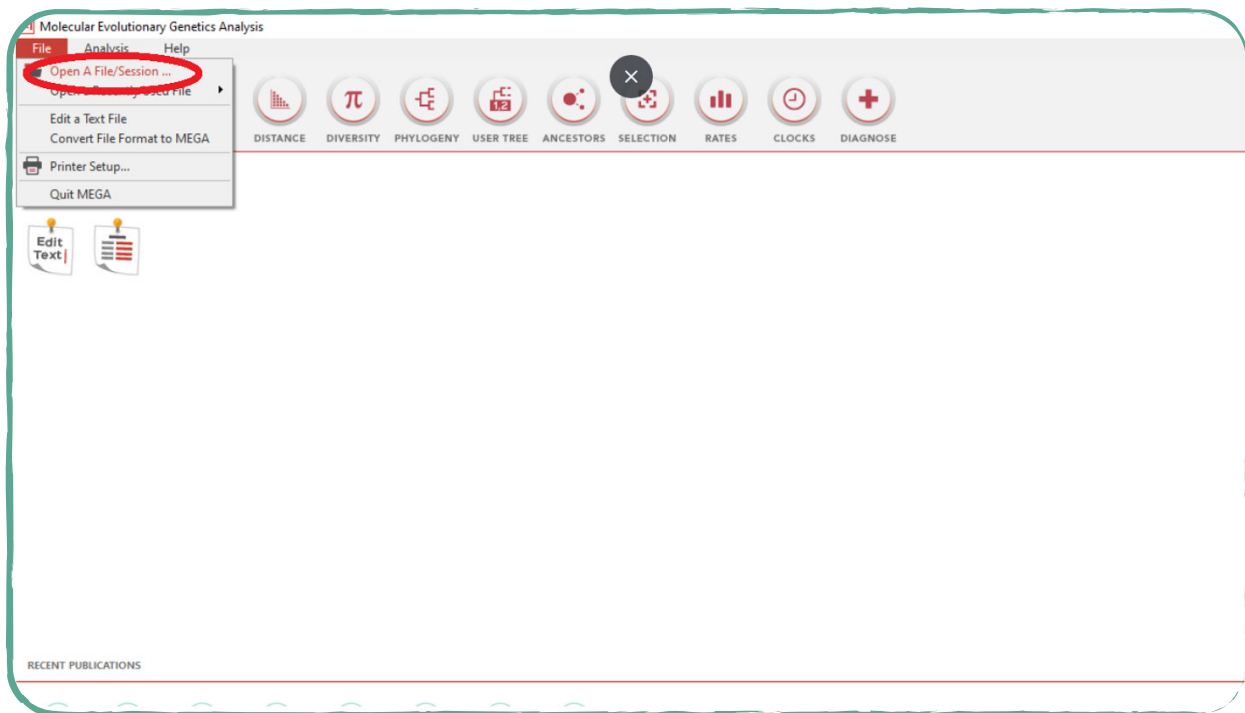
>Sapo - *Xenopus laevis*

TTTGGTACTCTAGATAACCTCGGGCCGATCGCACGTCCCCGTGACGGCGACGATACATTCCGATGTCTG
CCCTATCAACTTTTCGATGGTACTTTCTGCGCCTACCATGGTGACCACGGGTAACGGGGAATCAGGGTTCG
ATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCACT
CCCGACGCGGGGAGGTAGTGACGAAAAATAACAATACAGGACTCTTTCGAGGCCCTGTAATTGGAATGAG
TACACTTTAAATCCTTTAACGAGGATCTATTGGAGGGCAAGTCTGGTCCAGCAGCCGCGTAATCCAG
CTCCAATAGCGTATATTTAAGTGTGTCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATCTTGGGATCGAGCTGGCGG
TCCGCCGCGAGGCGAGCTACCGCTGTCCAGCCCTGCCTCTCGGGCCTCCCCGATGCTCTTGACTGA
G

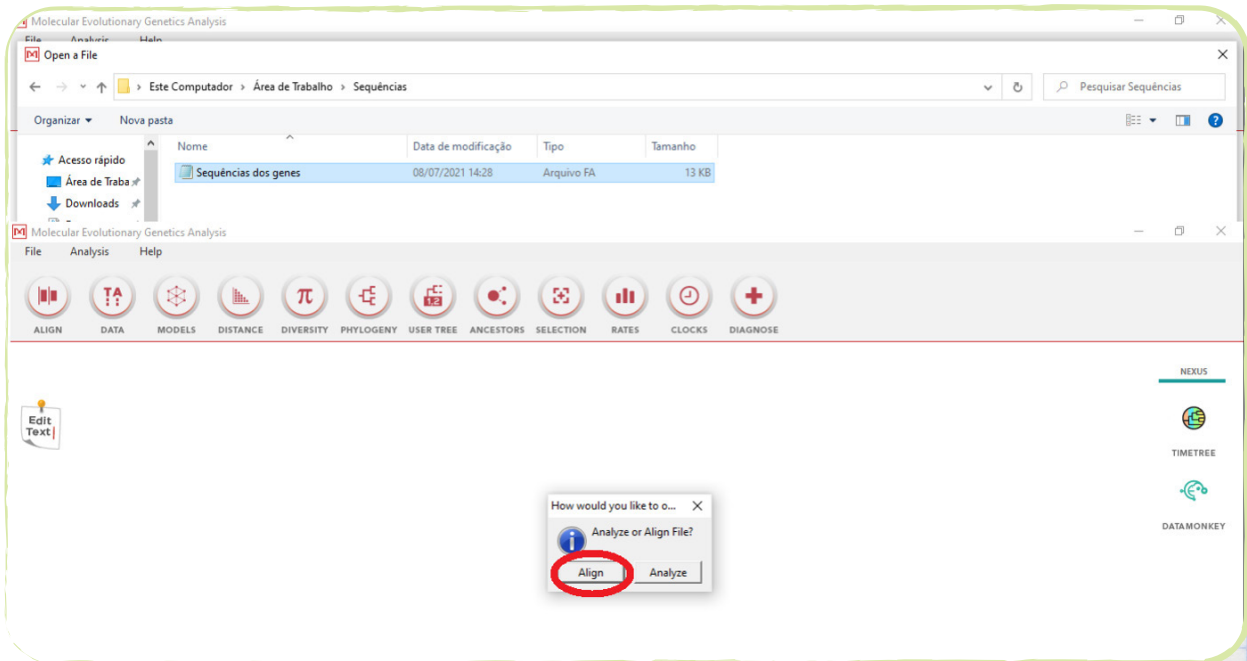
>Bacteria - *E. coli*

GGGGAGTACGGCCGAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGG
TTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGCCTTGACA

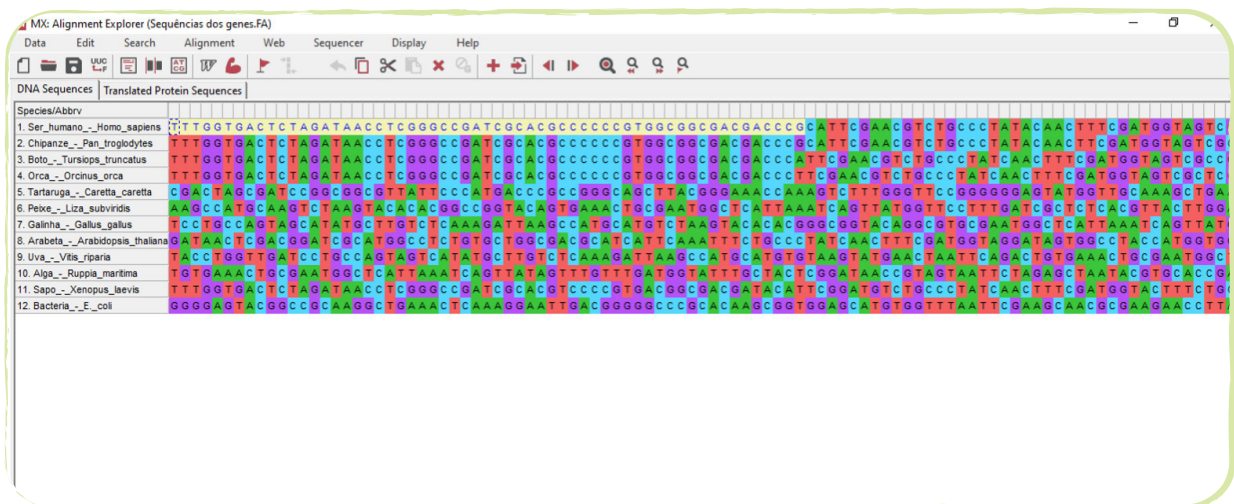
5. Abrir a sequência no programa Mega.



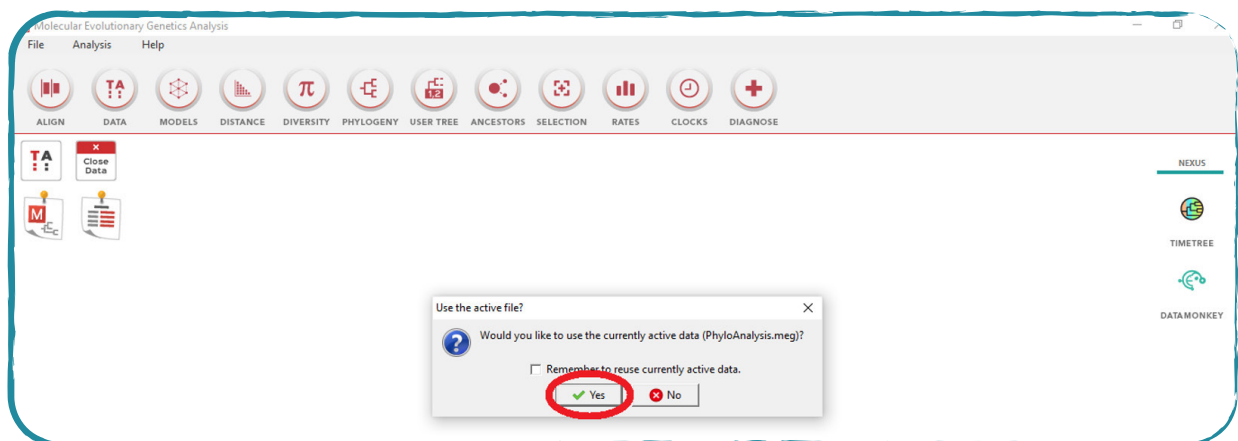
6. Alinhar. Selecionar “Align”.



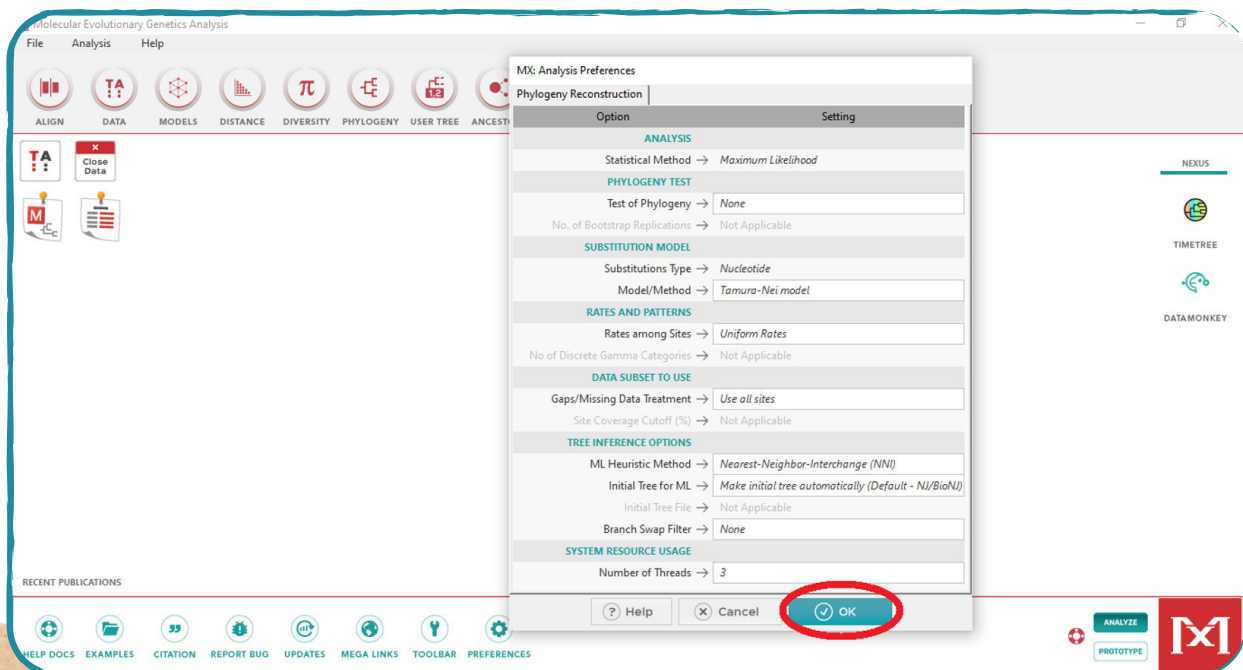
7. Sequência alinhada.



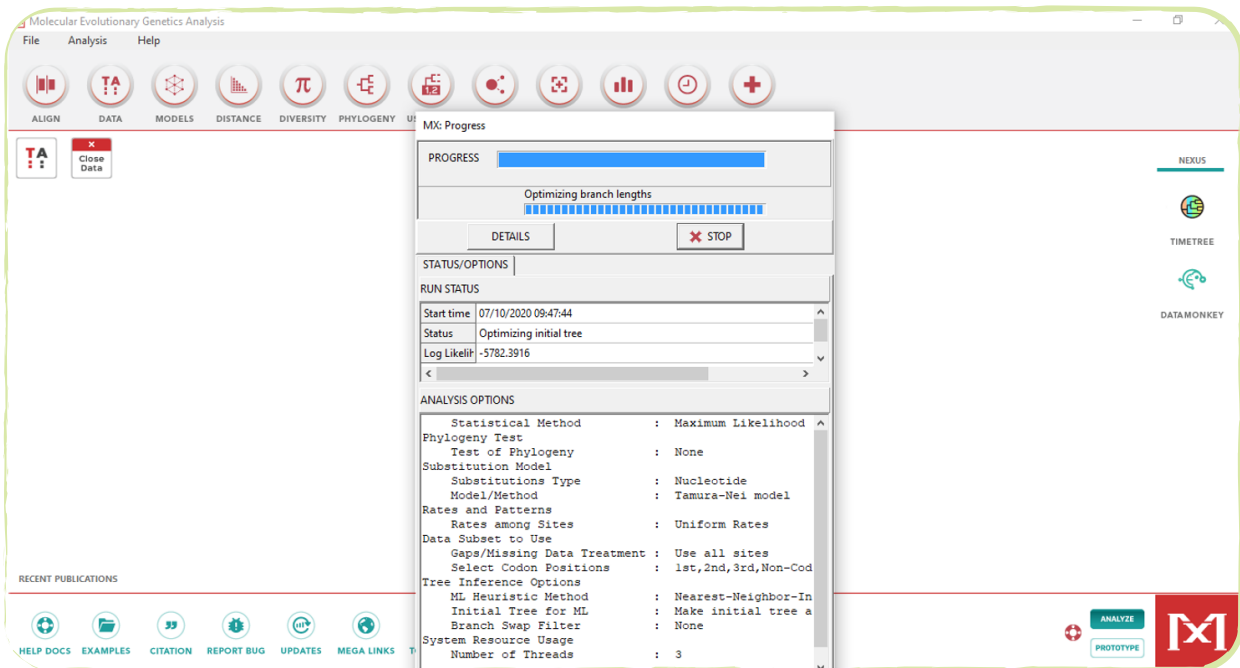
10. Após, aparecerá a seguinte caixa de ferramentas. Selecione “yes”.



11. Nesta caixa de ferramentas que irá surgir, você poderá alterar as opções, atente-se aos detalhes que foram escolhidos para a realização desta árvore e clique em ok.

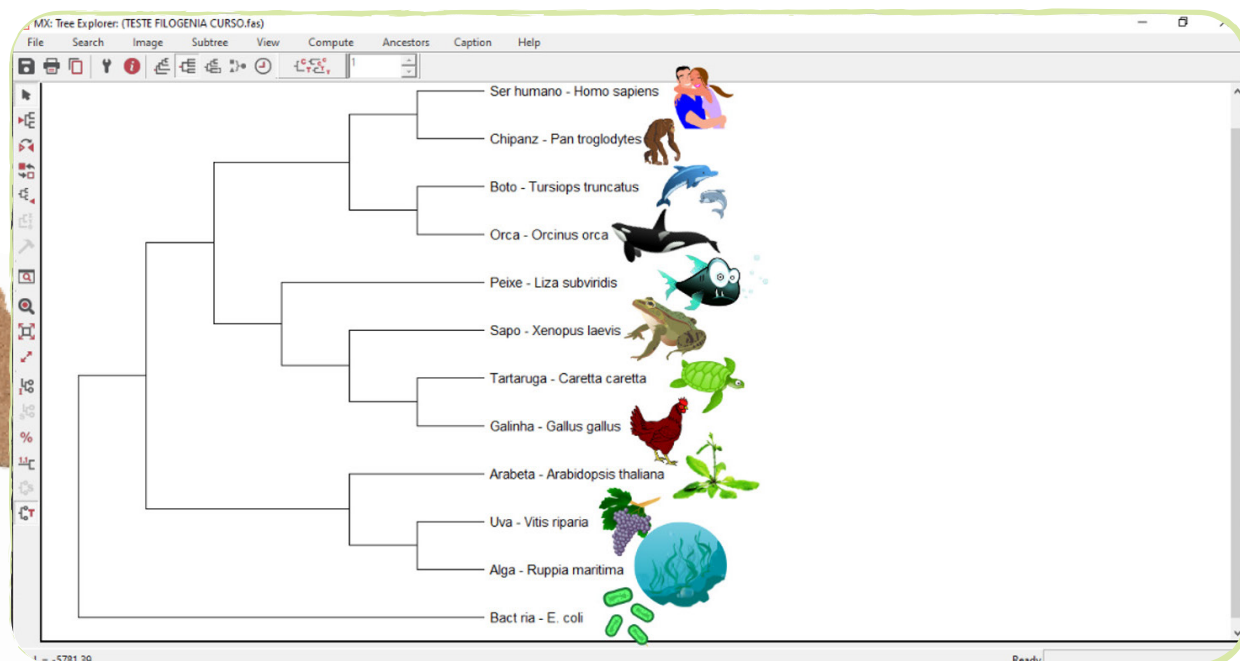


12. Tela de carregamento.



13. Filogenia pronta.

A filogenia abaixo representa um resultado semelhante ao que você obteve no capítulo anterior, mas com sequências mais completas desta vez. E os desenhos dos seres em consideração são meramente ilustrativos, tendo sido incluídos posteriormente, usando Power Point para edição.



Referências consultadas

Griffiths, A. J. F., Wessler, S. R., Carroll, S., & Doebley, J. (2013). *Introdução à Genética*. 10a edição. Editora Guanabara, editor.

Yang, Z., & Rannala, B. (2012). Molecular phylogenetics: principles and practice. *Nature reviews genetics*, 13(5), 303-314.

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6), 1547.

Brocchieri, L. (2001). Phylogenetic inferences from molecular sequences: review and critique. *Theoretical population biology*, 59(1), 27-40.

Caldart, E. T., Mata, H., Canal, C. W., & Ravazzolo, A. P. (2016). Análise filogenética: conceitos básicos e suas utilizações como ferramenta para virologia e epidemiologia molecular. *Acta Scientiae Veterinariae*, 44, 1-20.