



## Exercício 6

MAFFT (Multiple Alignment with Fast Fourier Transform, em inglês) é um programa de alinhamento múltiplo de sequências. O programa MAFFT implementa transformada rápida de Fourier para otimizar os alinhamentos de proteínas com base nas propriedades físicas dos aminoácidos. O programa usa o alinhamento progressivo e iterativo. As sequências nucleotídicas e de aminoácidos no formato FASTA podem ser alinhadas. MAFFT é útil para as sequências mais difíceis de se alinhar com outros programas, tais como aquelas que contêm grandes lacunas, (ex: rRNA que contêm as regiões variáveis de laços).

Nessa atividade, iremos executar o MAFFT avaliando, especificamente, como penalidades altas e baixas de abertura de lacuna podem afetar o alinhamento. **Opcional:** você poderá examinar os ajustes de extensão de lacunas .

Utilize o arquivo seqs\_exe6.fas e o *web service*

<http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html> para fazer a questão 1.

1.- Faça o alinhamento utilizando o MAFFT do arquivo fasta dado nos parâmetros padrão. Em seguida faça dois novos alinhamentos modificando o parâmetro de penalidade para abertura de lacuna para 3 e depois para 1. Compare o alinhamento com parâmetros padrão com os demais alinhamentos com maior e menor penalidade. Qual dos três alinhamentos você prefere e por quê?

2.- Classifique a dificuldade desse exercício:

- A)** Fácil demais, fiz durante a aula e sobrou tempo;
- B)** Adequado, fiz dentro do tempo programado;
- C)** Um pouco puxado, tive que deixar uma parte para fazer em casa;
- D)** Puxadíssimo, fiquei vários dias debruçado sobre um computador.

Envie as respostas desse exercício para o email [diegotsouza@hotmail.com](mailto:diegotsouza@hotmail.com) com cópia para [srmatiol@ib.usp.br](mailto:srmatiol@ib.usp.br), com assunto da mensagem [BIO-0456] Exercício 6. NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.