Sugestão para alinhamento de proteinas: CLUSTAL W

Para comparar duas sequencias usar o site:

EMBOSS Water: <https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_water/>

Colocar as sequencias (proteína ou DNA) e alinhar no format CLUSTAL W (e não Pair…)

Em alinhamentos múltiplos:

Usar o CLUSTAL OMEGA

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

Nesse caso usar o identificador com o fasta (>nome do gene- tem que ser diferente entre eles!)

Verifiquem que em alguns casos vão aparecer claramente os INDELS. Chequem se em suas proteinas há INDELS interessantes (que se mantém) entre as proteinas…..