



Universidade de São Paulo
Instituto de Química



Comparação de sequências

aula 3

João Carlos Setubal

2022

Alinhamento múltiplo

- Queremos alinhar mais do que $n = 2$ sequências
- n pode variar de 3 a milhares
- Por que haveria interesse em fazer tais alinhamentos?

Motivação mais geral

- Representante da situação em que semelhança entre 2 sequências pode ser apenas coincidência
- Mas semelhança entre 10 ou 20 ou 100 sequências (ou seja, quaisquer duas sequências do conjunto tem uma certa semelhança mínima entre si) é muito mais difícil que seja coincidência

Motivação mais concreta

- Para construir **filogenias** é necessário criar AMs

Alinhamento múltiplo

```
C:  ----SDIPAGDYEGKKVYKQRCLQCHVVDSTAT-KTGPTLHGVIGRTSGTVSGFDYSAA
Y:  ----TEFKAGSAKKGATLKFTRCLQCHTVEKGGPHKVGPNLHGIFGRHSGQAEGYSYTDA
A:  MASFDEAPPGNPKAGEKIFRTKCAQCHTVEKGAGHKQGPNLNGLFGRQSGTTPGYSYSAA
D:  -----GVPAGDVEKGKKLFVQRC AQCHTVEAGGKHKVGPNLHGLIGRKTGQAAGFAYTDA
H:  -----GDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKGTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAA
M:  -----GDVEKGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKGTGPNLHGLFGRKTGQAAGFSYTDA
      * . : * .:: . * ***.*: . * **.*:***:*** :* . *: *: *
```

```
C:  NKNKGVVWTKETLFEYLLNPKKYIPGTMVFAGLKKADERADLIKYIEVESAKSL
Y:  NIKKNVLWDENNMSEYLTNPKKYIPGTMVAFGGLKKEKDRNDLITYLKKACE---
A:  NKSMAVNWEEKTLYDYLNPKKYIPGTMVFPGLKKPQDRADLIAYLKEGTA---
D:  NKAAGITWNEDTLFEYLENPKKYIPGTMIFAGLKKPNERGDLIAYLKSATK---
H:  NKNKGIIWGEDTLMEYLENPKKYIPGTMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE--
M:  NKNKGITWGEDTLMEYLENPKKYIPGTMIFAGIKKKGERADLIAYLKKATNE--
      *      : * :..: :** ***** * *:** :* *** *::
```

Como dar notas para alinhamentos múltiplos?

Soma de pares (aminoácidos)

- **Numa coluna determinada**, podemos separar todos os pares de aminoácidos
 - da linha 1 com linha 2, da linha 1 com linha 3, 1 com 4, etc
 - depois: da linha 2 com linha 3, 2 com 4, etc
 - A cada par corresponde uma nota na matriz BLOSUM62
 - A soma de todas as notas dos pares dá a nota da coluna
 - A soma das notas das colunas dá a nota do alinhamento

Coluna de um alinhamento

L
I
V
V
I

BLOSUM62

L/L: 4
L/I: 2
L/V: 1
I/I: 4
I/V: 3
V/V: 4

	L	I	V	V	I	
L		2	1	1	2	6
I			3	3	4	10
V				4	3	7
V					3	3
I						26

Nota da coluna

```

C:      ----SDIPAGDYEGKKVYKQRCLQCHVVDSTAT-KTGPTLHGVIGRTSGTVSGFDYSAA
Y:      ----TEFKAGSAKKGATLFKTRCLQCHTVEKGGPHKVGPNLHGIFGRHSGQAEGYSYTDA
A:      MASFDEAPPGNPKAGEKIFRTKCAQCHTVEKGAGHKQGPNLNGLFGRQSGTTPGYSYSAA
D:      -----GVPAGDVEKGKKLFVQRCQAQCHTVEAGGKHKVGPNLHGLIGRKTGQAAGFAYTDA
H:      -----GDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGQAAPGYSYTAA
M:      -----GDVEKGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGQAAGFSYTDA
          *. : * .:: .* ***.*: . * **.*:::** :* . *: *: *

```

What do the consensus symbols mean in the alignment?

An * (asterisk) indicates positions which have a single, fully conserved residue

A : (colon) indicates conservation between groups of strongly similar properties - scoring > 0.5 in the Gonnet PAM 250 matrix

A . (period) indicates conservation between groups of weakly similar properties - scoring ≤ 0.5 in the Gonnet PAM 250 matrix

Não existe padrão universalmente aceito para **avaliar** AMs

- Ou seja, não existe o equivalente de e-values em BLAST
- Diferentes programas produzem diferentes notas

As cores representam famílias de aminoácidos

Cthe_1566_Clostridium_thermoce	LRDIIENTYK	VLDT-DLOVV	LTGCTAGIVG	DDVDSLVSSEF	AO-----
Fisuc_1086_Fibrobacter_succino	LDOLIKSTLK	VFDG-DLYVV	LTGCVGGLIG	DDVPSLVNEY	RD-----
Metvu_1085_Methanocaldococcus_	LVEGLRNLVA	RYDP-ELISV	VTTCSSETIG	DDIEAFIRAA	RKKIASSEFGE
MFS40622_0035	LVEGLRNLVA	RYDP-DLISV	VTTCSSETIG	DDIEAFIRAA	RKKIAAEFGE
Metin_0037_Methanocaldococcus_	LVEGIRNLVA	RYDP-DLISV	VTTCSSETIG	DDIEAFIRAA	RKKIAKEFGE
Csac_2462_Caldicellulosiruptor	LIEGIRNLVL	RYSP-TVIGV	ITTCSSSETIG	DDIEAFIkea	YKKLSEELSS
Daud_0147_Candidatus_Desulforu	FTEGIRNLVV	RYRP-DLITV	VTTCSSEIIG	DDMVSVFIKVA	RKRLVSELGP
Slip_2126_Syntrophothermus_lip	VIEGIRNLVV	RYWP-GLIGV	VTTCSSEIMG	DDMVSVFLKEA	RARLSREIGR
CT1536_nifD_Chlorobium_tepidum	LKVAIQEAYD	LFHP-KAIAI	FSTCPVGLIG	DDVHAVAREM	KEKLGD----
Cphan1_1754_Chlorobium_phaeob	LKEAIQEAYD	IFRP-KAIGI	FSTCPVGLIG	DDVHAVAREM	KEKLGD----
MM0722_NifD_Methanosarcina_maz	LKKAIDEVVK	IFNP-EAVTI	CATCPVGLIG	DDIEAVSREA	EKEHG-----
Avin_01390_nifD_Azotobacter_vi	LAKLIDEVET	LFPLNKGISV	OSECPIGLIG	DDIESVSKVK	GAELS-----
Moth_0551_Moorella_thermoaceti	LEQACLEAIR	LFPEAKGLII	FTTCTTGLIG	DDVOAVARSV	EKKTG-----
Slip_2127_Syntrophothermus_lip	LKASCLEAFR	LFPEARGMII	FTTCTTGLIG	DDVOGVARQV	EKEVG-----
Daud_0146_Candidatus_Desulforu	LLKSALEAVR	LFPEATGIIM	YTTCTTGLIG	DDIGSVAKOI	ERETG-----
Metvu_1084_Methanocaldococcus_	LEKACLEAAA	EFPEAKGIII	YATCTTGLIG	DNLGAVAKKV	EEKIG-----
MFS40622_0034_Methanocaldococ	LEKACLEAAA	EFPOAKGIII	YATCTTGLIG	DNLEAVARKV	EEKIG-----
Metin_0038_Methanocaldococcus_	LEKACIEAAE	EFPEAKGIFI	YATCPTALIG	DNLEAVARKV	EEKIK-----
Csac_2463_Caldicellulosiruptor	LYNAIEEANO	EFPEAKAVFI	YATCPTALIG	DDLEAVAKKA	SKAIG-----
RoseRS_1199_Roseiflexus	LLOSIEEANA	EFPNAAKAVFV	YNTCSTALIG	DDGRDVAKQA	EAIIG-----
Rcas_4041_Roseiflexus	LLOSIEEASA	EFPDAAKAVFV	YNTCSTALIG	DDGRDVAKQA	EAIIG-----
CT1538_nifE_Chlorobium_tepidum	LYKSLIELID	OYOP-NAAFI	YSTCIIGLIG	DDIDAVCKKV	AKEKG-----
MM0724_nifE_Methanosarcina_maz	LSNAIDELAG	IYRP-PVIFV	YSTCIVGIIG	DDLEAVCKTA	SKKHN-----
Avin_01450_nifE_Azotobacter_vi	LFHAIRQAVE	SYSP-PAVFV	YNTCVPALIG	DDVDVAVCKAA	AERFG-----
Cthe_1565_Clostridium_thermoce	LANTIREVYE	RTHA-NAIFV	LTTCAGGIIG	DDVESVCNEA	EEELG-----
Fisuc_1087_Fibrobacter	LROTIRDAKE	RFNP-KAIFI	GMACATAIIG	EDIDSIAEEM	EPEVG-----
Ccel_1615_Clostridium_cellulol	LVDSLNEVNS	RYNP-KIIAV	LTNCCADIIG	DDVEGCIEGL	PDEIR-----
Mlab_1039_Methanocorpusculum_1	LLNKILOECA	SHHP-KFVAI	LGTPVPALIG	CDISGIATEV	FDTTK-----
Mlab_1040_Methanocorpusculum_1	LCNAIDELLP	QIQRPKVFLV	YICCVLYLAG	FDEQSTIDEL	KKRNP-----

Exercício

- Compare os aminoácidos de mesmas cores do slide anterior com as famílias apresentadas na aula 1 de comparações
- Compare também com as notas desses grupos de aminoácidos na matriz BLOSUM62

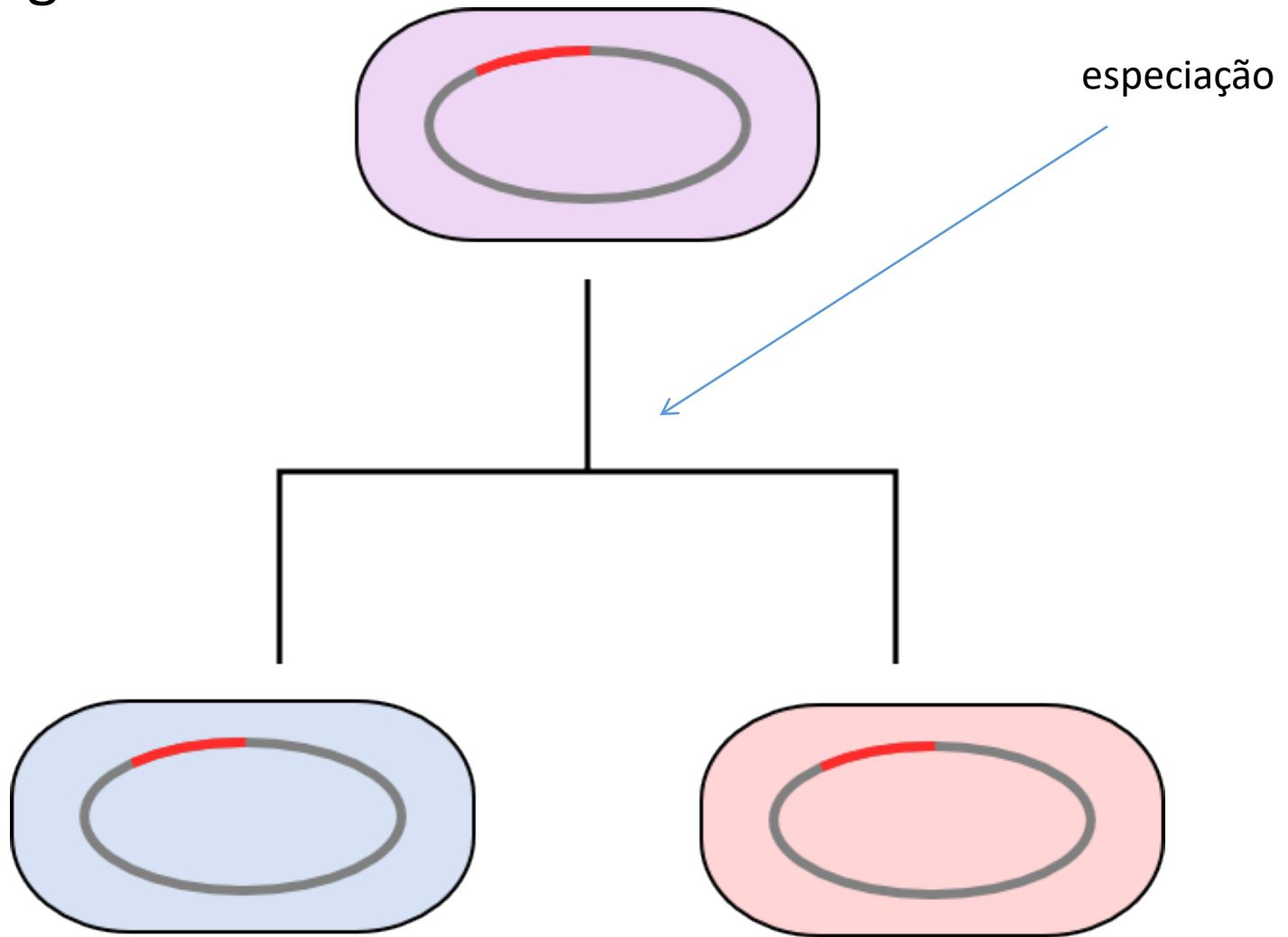
Sequências de entrada para um AM

- Dois conceitos importantes
 - Homologia
 - Família

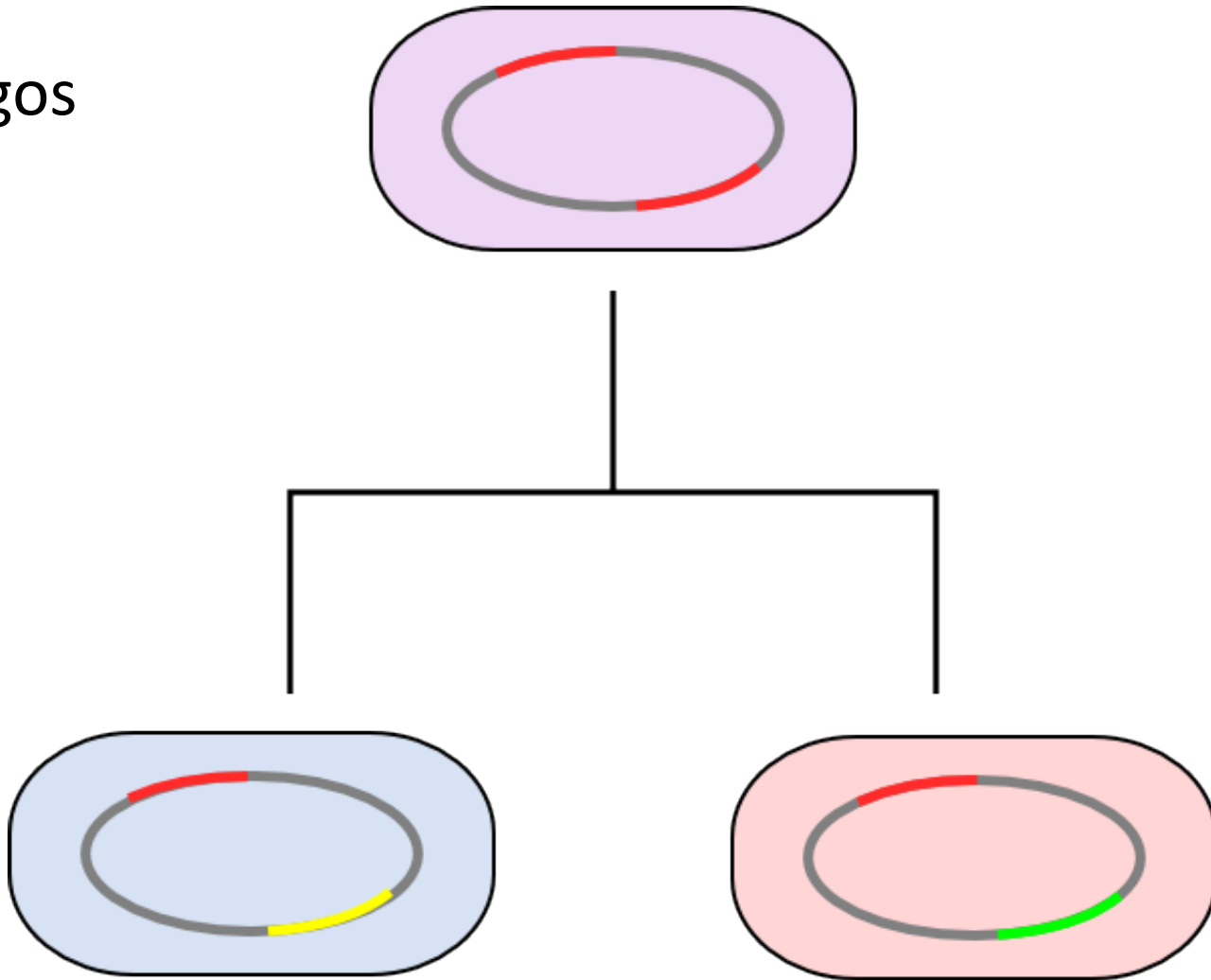
Homologia

- Dois genes que tem um mesmo ancestral são **homólogos**
- Freq. usado erroneamente com o sentido de **similar**
- Similaridade não implica necessariamente em homologia
 - Asas: morcego e insetos (convergência)
- Às vezes a similaridade é (ou parece) baixa mas mesmo assim existe homologia
 - Barbatana de baleia e braços em humanos
- Dois tipos de homologia
 - **Ortologia** e **paralogia**

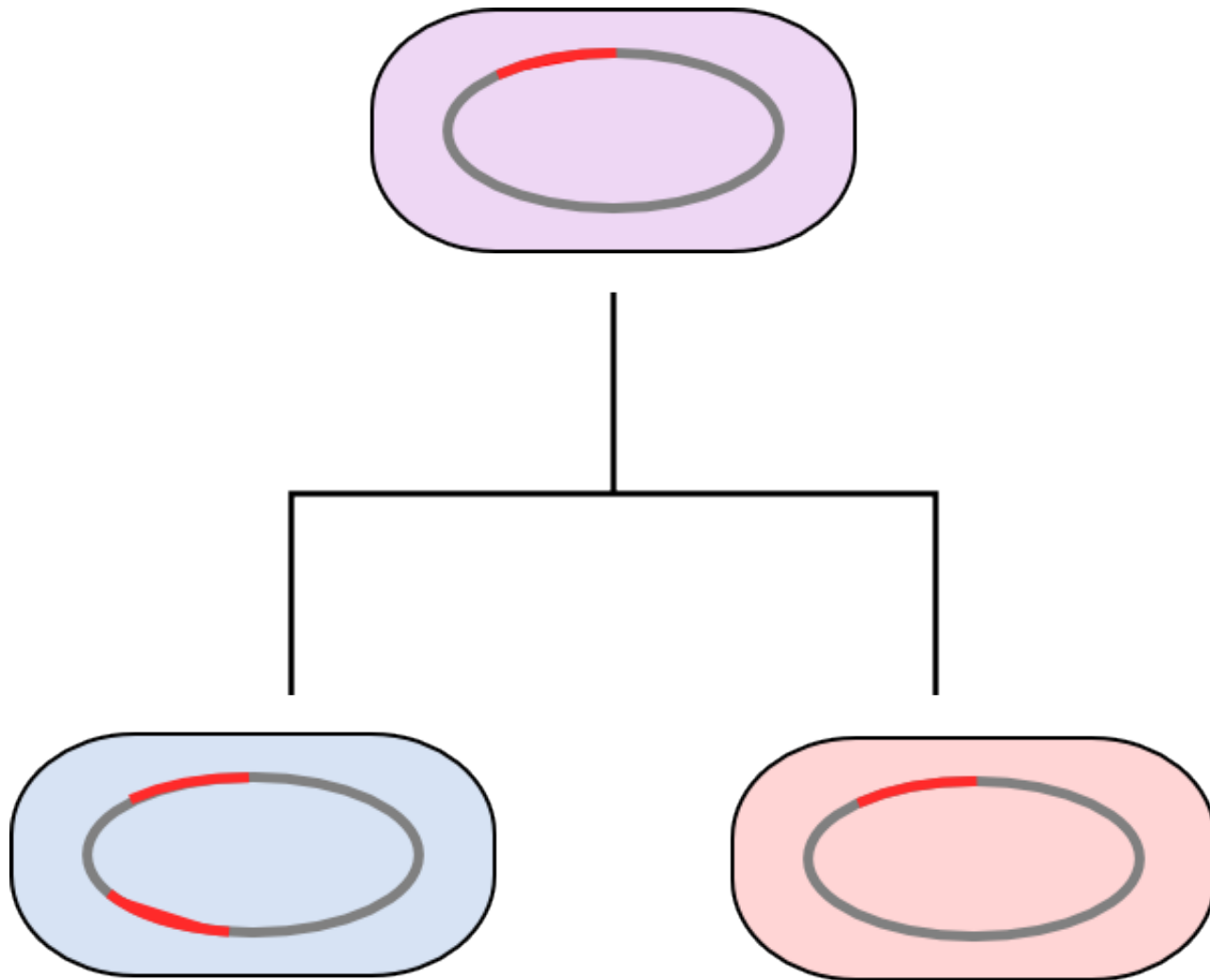
Ortólogos



parálogos



In-parálogos



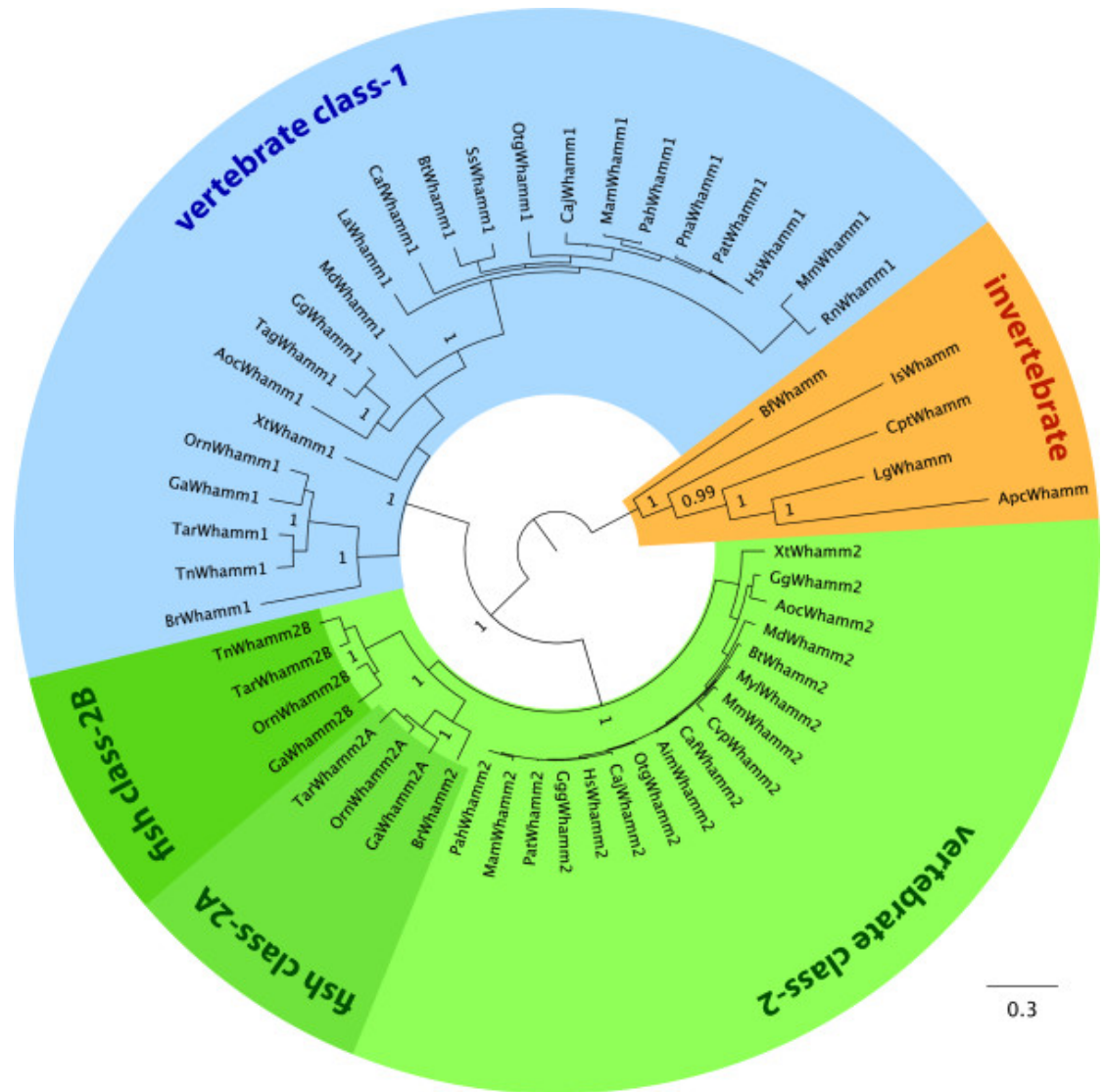
Homologia e função

- Seria bom se proteínas homólogas tivessem mesma função
- Geralmente é o caso; mas **nem sempre**
- Parálogos estão mais sujeitos a desenvolver novas funções
 - Neo-funcionalização
- Na prática
 - Membros de uma mesma família de proteínas são homólogos e em geral tem mesma função
 - Mas existem os conceitos de **Superfamílias e subfamílias**

Família de proteínas

- Definição operacional
 - Duas proteínas estão na mesma família se seus genes são homólogos
- ou (mais exigente)
 - Duas proteínas estão na mesma família se seus genes são ortólogos
- Falar em proteínas homólogas é um certo abuso de linguagem: são os **genes** que são homólogos

Exemplo de subfamílias.
Nesta figura são definidas
3 subfamílias (azul, verde,
laranja), e 3 sub-
subfamílias (dentro da
subfamília verde)



Phylogenetic tree of the WHAMM proteins

Kollmar et al. BMC Research Notes 2012 5:88 doi:10.1186/1756-0500-5-88

Colunas num AM devem ser homólogas

- Uma coluna homóloga significa que **o gene ancestral comum** das sequências no AM também tinha a posição correspondente a essa coluna

Alinhar DNA ou aminoácidos?

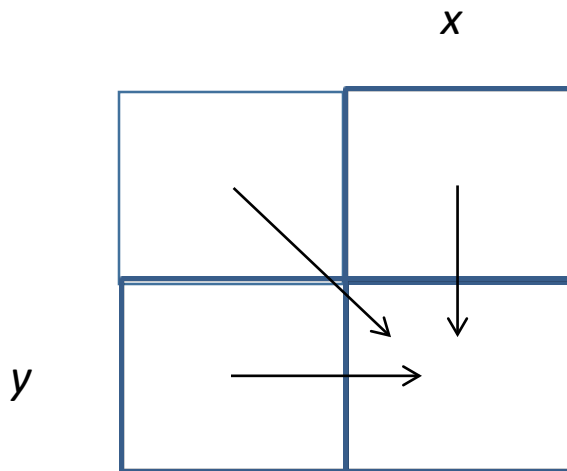
- DNA: mais difícil garantir homologia nas colunas
- DNA é mais sensível, pelo fato do código genético ser degenerado (mesmo aminoácido codificado por diferentes codons)
- Comparação com aminoácidos permite que proteínas mais distantes possam ser incluídas
 - Há casos em que não dá para alinhar DNA (muita divergência)
- DNA é indicado quando as sequências de proteínas são todas idênticas ou quase idênticas
 - Como seria o caso na comparação de proteínas de cepas de uma espécie de bactéria

Algoritmo para alinhamento múltiplo de sequências

- Programação dinâmica
- Generalização de alinhamento 2-a-2

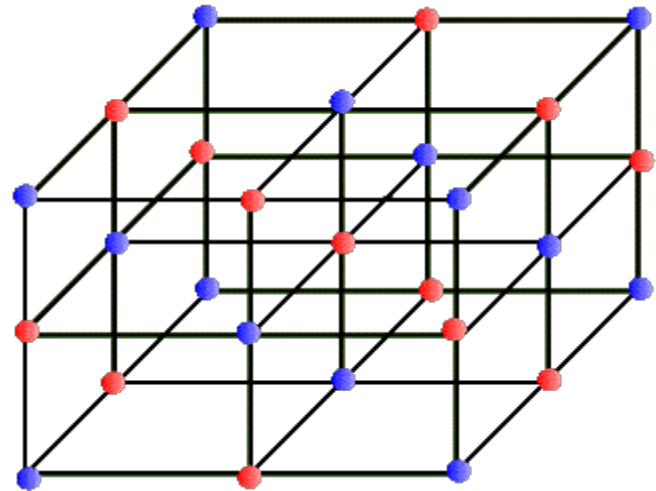
Generalização de PD para AM

2 sequências



$$O(n^2)$$

3 sequências



$$O(n^3)$$

$$\Omega(2^k n^k)$$

Omega significa que o custo é *pelo menos* esse

Consequência

- Se PD para alinhamentos 2-a-2 já é caro...
- ...para AM é ainda **mais caro!**
- Portanto **todos os programas práticos** para AM são **heurísticas**
 - Não tem **garantia de otimalidade** (produzem **aproximações**)

Mesmo sendo heurísticas esses programas tem limitações

- Essas limitações vão variar de programa para programa, e dependendo de onde o programa é rodado
- **A grosso modo**, as sequências de entrada não podem ser:
 - muito longas (não mais do que algo como 10 kb, no caso de AM para nucleotídeos)
 - nem muitas (não mais do que algo como 1000)

Alinhamento progressivo

- é a heurística que está na base de vários programas de AM
- Ideia: combinar alinhamentos de pares, iniciando com o par mais similar entre si
- Ir juntando os pares
- Dois estágios
 1. constrói-se uma **árvore-guia** que determina a hierarquia de similaridade entre os pares
 2. as sequências são adicionadas ao alinhamento num processo guiado pela árvore
- Seria melhor que AM e árvore fossem feitos simultaneamente
 - Mas é muito mais complicado de fazer com rigor

Programas para AM

- **Muscle**

- Edgar, R.C. (2004) *Nucleic Acids Res.* **32**(5):1792-1797
- <http://www.drive5.com/muscle>

- **MAFFT**

- Katoh, Misawa, Kuma, Miyata 2002 (*Nucleic Acids Res.* **30**:3059-3066)
- <http://mafft.cbrc.jp/alignment/software/>

- ClustalW/X (antigos) **Clustal Omega** (novo)

- Sievers et al. *Molecular Systems Biology* (2011) 7:539
- <http://www.clustal.org/omega/>
- <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

- Outros: Probcons, Cobalt (NCBI), T-coffee

Para ilustrar as complexidades de avaliação de alinhamentos múltiplos

- Artigo do próximo slide procurou comparar diferentes programas de AM entre si

A Comprehensive Benchmark Study of Multiple Sequence Alignment Methods: Current Challenges and Future Perspectives

Julie D. Thompson , Benjamin Linard, Odile Lecompte, Olivier Poch

Published: March 31, 2011 • DOI: 10.1371/journal.pone.0018093

Article

About the Authors

Metrics

Comments

Related Content



Download PDF

Print

Share

Abstract

Introduction

Results

Discussion

Materials and Methods

Acknowledgments

Author Contributions

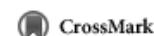
References

Reader Comments (0)

Figures

Abstract

Multiple comparison or alignment of protein sequences has become a fundamental tool in many different domains in modern molecular biology, from evolutionary studies to prediction of 2D/3D structure, molecular function and inter-molecular interactions etc. By placing the sequence in the framework of the overall family, multiple alignments can be used to identify conserved features and to highlight differences or specificities. In this paper, we describe a comprehensive evaluation of many of the most popular methods for multiple sequence alignment (MSA), based on a new benchmark test set. The benchmark is designed to represent typical problems encountered when aligning the large protein sequence sets that result from today's high throughput biotechnologies. We show that alignment methods have significantly progressed and can now identify most of the shared sequence features that determine the broad molecular function(s) of a protein family, even for divergent sequences. However, we have identified a number of important challenges. First, the locally conserved regions, that reflect functional specificities or that modulate a protein's function in a given cellular context, are less well aligned. Second, motifs in natively disordered regions are often misaligned. Third, the badly predicted or fragmentary protein sequences, which make up a large proportion of today's databases, lead to a significant number of alignment errors. Based on this study, we demonstrate that the existing MSA methods can be exploited in combination to improve alignment accuracy, although novel approaches will still be needed to fully explore the most difficult regions. We then propose knowledge-enabled, dynamic solutions that will hopefully pave the way to enhanced alignment construction and exploitation in future evolutionary



Subject Areas

Computer software

Database searching

Genome evolution

Multiple alignment c...

Sequence alignment

Sequence analysis

Sequence databases

Sequence motif anal...

ADVERTISEMENT

GeneCopiae™

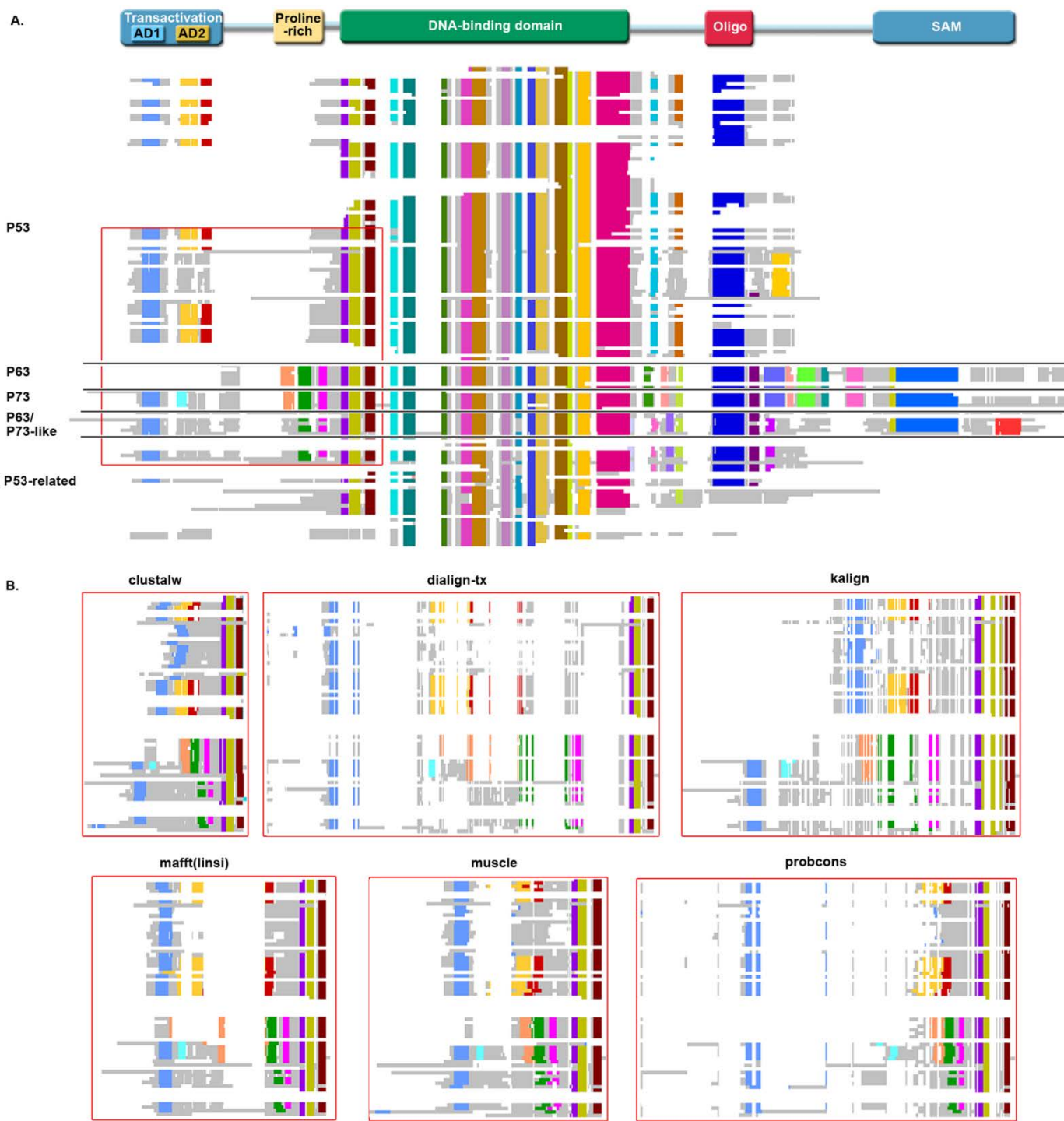


Figure 1: An example benchmark alignment.

- (A) Reference alignment of representative sequences of the p53/p63/p73 family, with the domain organization shown above
- (B) the alignment (AD: activation domain, Oligo: oligomerization, SAM: sterile alpha motif). Colored blocks indicate conserved
- (C) regions. The grey regions correspond to sequence segments that could not be reliably aligned and white regions indicate
- (D) gaps in the alignment. (B) Different MSA programs produce different alignments, especially in the N-terminal region (boxe
- (E) d in red in A) containing rare motifs and a disordered proline-rich domain.

Esquema
comparativo
de notas

Alinhamentos múltiplos particularmente importantes podem ser editados manualmente

- A premissa é que um especialista será capaz de identificar alterações no AM que fazem mais sentido biológico
- O especialista em geral tem uma noção da estrutura das proteínas que estão alinhadas, o que nenhum programa de AM tem
- Algumas colunas podem não ser informativas, e deveriam ser removidas
 - sempre de acordo com o especialista!

O trecho indicado pela flecha poderia ser alvo de edição, para que os Ds ficassem alinhados

Cthe_1566_Clostridium_thermoce
 Fisuc_1086_Fibrobacter_succino
 Metvu_1085_Methanocaldococcus_
 MFS40622_0035
 Metin_0037_Methanocaldococcus_
 Csac_2462_Caldicellulosiruptor
 Daud_0147_Candidatus_Desulforu
 Slip_2126_Syntrophothermus_lip
 CT1536_nifD_Chlorobium_tepidum
 Cphamn1_1754_Chlorobium_phaeob
 MM0722_NifD_Methanosarcina_maz
 Avin_01390_nifD_Azotobacter_vi
 Moth_0551_Moorella_thermoaceti
 Slip_2127_Syntrophothermus_lip
 Daud_0146_Candidatus_Desulforu
 Metvu_1084_Methanocaldococcus_
 MFS40622_0034_Methanocaldococc
 Metin_0038_Methanocaldococcus_
 Csac_2463_Caldicellulosiruptor
 RoseRS_1199_Roseiflexus
 Rcas_4041_Roseiflexus
 CT1538_nifE_Chlorobium_tepidum
 MM0724_nifE_Methanosarcina_maz
 Avin_01450_nifE_Azotobacter_vi
 Cthe_1565_Clostridium_thermoce
 Fisuc_1087_Fibrobacter
 Ccel_1615_Clostridium_cellulol
 Mlab_1039_Methanocorpusculum_l
 Mlab_1040_Methanocorpusculum_l



Edição manual de AMs

- **Jalview**

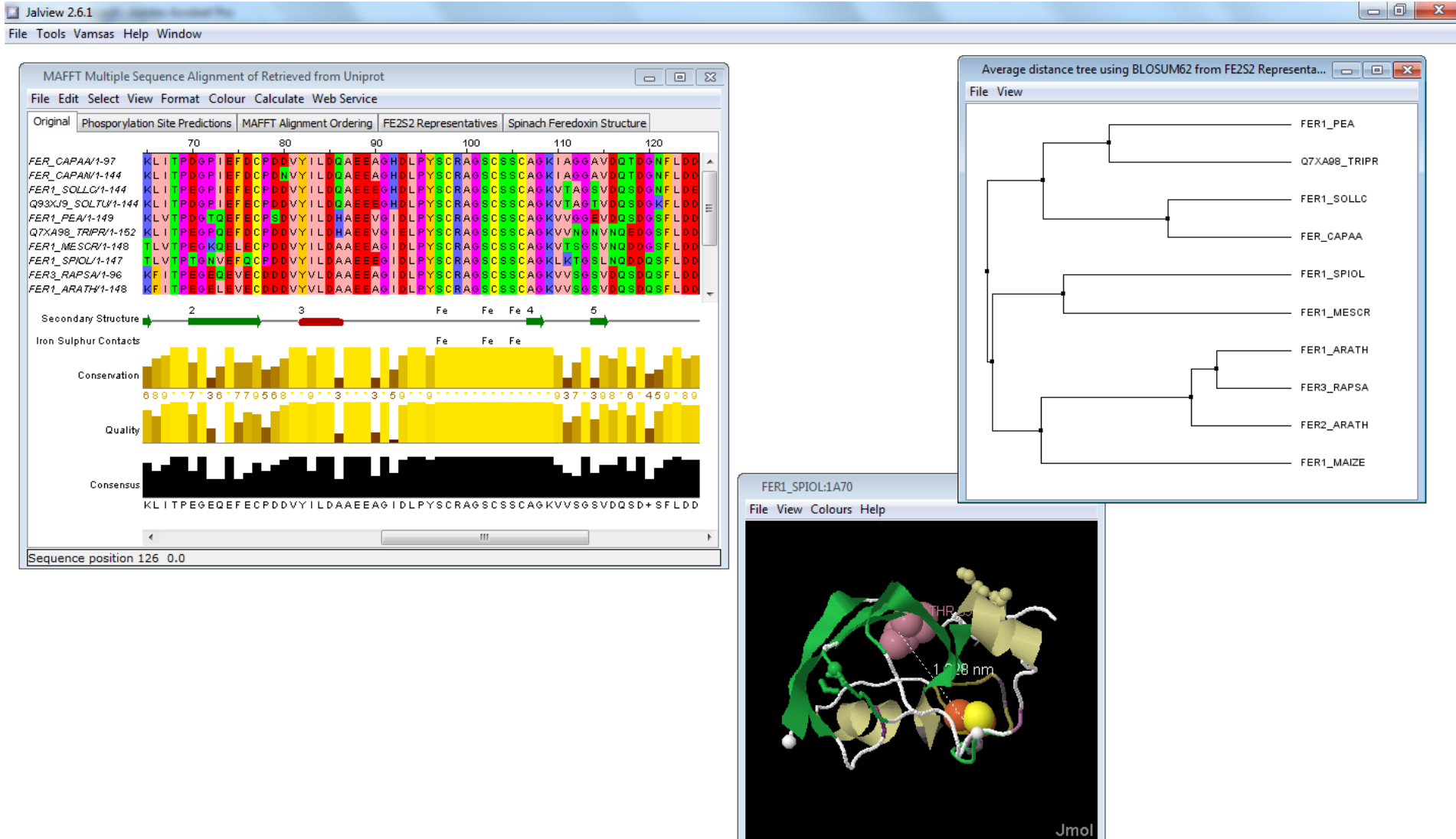
- www.jalview.org
- Waterhouse et al. *Bioinformatics* 2009 **25** (9) 1189-1191

- **Seaview**

- <http://pbil.univ-lyon1.fr/software/seaview.html>
 - Gouy M., Guindon S. & Gascuel O. (2010) *Molecular Biology and Evolution* **27**(2):221-224

JALVIEW

<http://www.jalview.org/>



SeaView

Version 4.4.2

NEW: seaview drives the **Gblocks** program to select blocks of conserved sites.

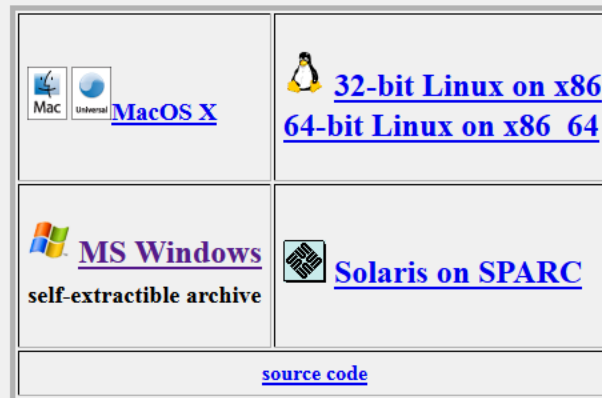
NEW: seaview drives the **Clustal Ω** program to perform multiple sequence alignment.

SeaView is a multiplatform, graphical user interface for multiple sequence alignment and molecular phylogeny.

- SeaView reads and writes various file formats ([NEXUS](#), MSF, CLUSTAL, FASTA, PHYLIP, [MASE](#), Newick) of DNA and protein sequences and of phylogenetic trees.
- SeaView drives programs [muscle](#) or [Clustal Omega](#) for multiple sequence alignment, and also allows to use any external alignment algorithm able to read and write FASTA-formatted files.
- Seaview drives the [Gblocks](#) program to select blocks of evolutionarily conserved sites.
- SeaView computes phylogenetic trees by
 - parsimony, using PHYLIP's [dnapars/protpars](#) algorithm,
 - distance, with [NJ](#) or [BioNJ](#) algorithms on a variety of evolutionary distances,
 - maximum likelihood, driving program [PhyML](#) 3.0.
- SeaView prints and draws phylogenetic trees on screen, SVG, PDF or PostScript files.
- SeaView allows to download sequences from EMBL/GenBank/UniProt using the Internet.

Screen shots of the main [alignment](#) and [tree](#) windows. On-line [help](#) document. Old [seaview version 3.2](#)

Download SeaView



Note for Linux/Unix users: The downloaded archives contain the seaview executable itself, an example data file, a .html file, and 4 other programs (muscle, clustalo, phym1, Gblocks) that seaview drives. These 4 programs and the .html file can either be left in the same directory as seaview, or be put in any directory of your PATH.

Edição automática de AMs

- GBLOCKS

- http://molevol.cmima.csic.es/castresana/Gblocks_server.html
- Castresana, J. (2000) **Molecular Biology and Evolution** 17, 540-552

- GUIDANCE

- <http://guidance.tau.ac.il/index.html>
- Penn, O., Privman, E., Ashkenazy, H., Landan, G., Graur, D. and Pupko, T. (2010). **GUIDANCE: a web server for assessing alignment confidence scores.** *Nucleic Acids Research*, 2010 Jul 1; 38 (Web Server issue):W23-W28; doi: 10.1093/nar/gkq443

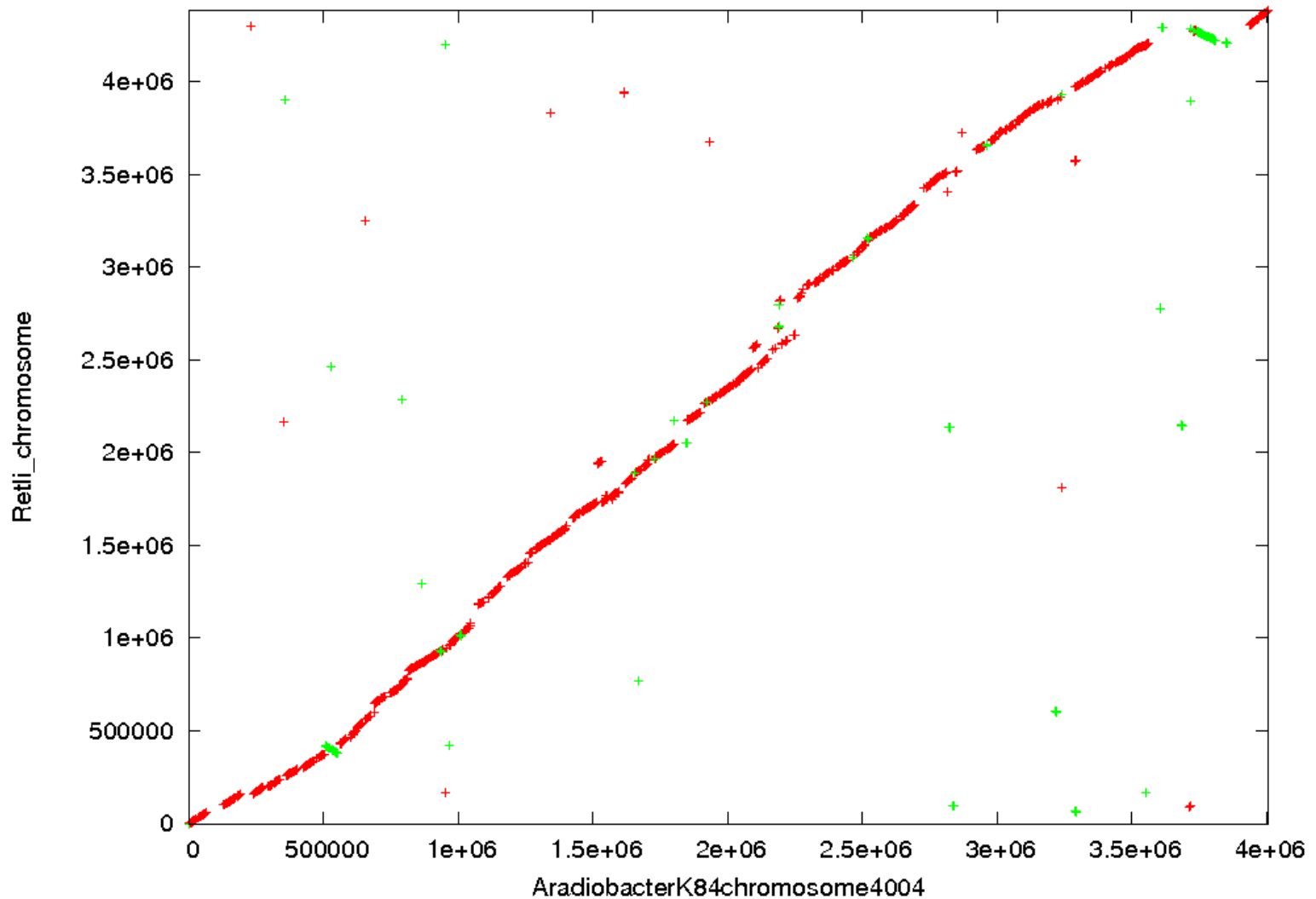
Existem diferentes formatos de alinhamentos múltiplos

- clustal, FASTA, MSF, NEXUS, PHYLIP
- Portanto é preciso cuidado quando se usa a saída de um programa de AM como entrada para um outro programa; os 2 programas tem que estar de acordo quanto ao formato!
- É em geral simples de se converter de um formato para outro
- <http://molecularevolution.org/resources/fileformats/converting>

Alinhamento entre **sequências longas**

- Por exemplo, cromossomos inteiros
- O cromossomo típico de uma bactéria tem **4 Mbp**
- Cromossomo de humanos: algo como 300 Mbp

Este é um dotplot representando o alinhamento entre os cromossomos de duas bactérias: *Agrobacterium radiobacter* e *Rhizobium etli*



BLAST não serve para isso

- Mesmo computadores com centenas de GBytes de RAM não dão conta de rodar BLAST para essas entradas
- Problema não é tempo; é **memória RAM**
- Outras abordagens são necessárias

O programa MUMmer

- Delcher AL, Phillippy A, Carlton J, Salzberg SL. **Fast algorithms for large-scale genome alignment and comparison.** *Nucleic Acids Res.* 2002 Jun 1;30(11):2478-83.
- Kurtz S, Phillippy A, Delcher AL, Smoot M, Shumway M, Antonescu C, Salzberg SL. **Versatile and open software for comparing large genomes.** *Genome Biol.* 2004;5(2):R12
- <http://mummer.sourceforge.net>

Como MUMmer funciona

- It finds Maximal Unique Matches
- These are exact matches above a user-specified threshold that are unique
- Exact matches found are clustered and extended (using dynamic programming)
 - Result is approximate matches
- Data structure for exact match finding: **suffix tree**
 - Difficult to build but very fast
- Nucmer and promer
 - Both very fast
 - $O(n + \text{\#MUMs})$, n = genome lengths
- Nucmer é para comparação de nucleotídeos
- Promer faz tradução nos 6 quadros de leitura de ambas as sequências (a la tblastx)

Árvore de sufixos para GTATCTAGG

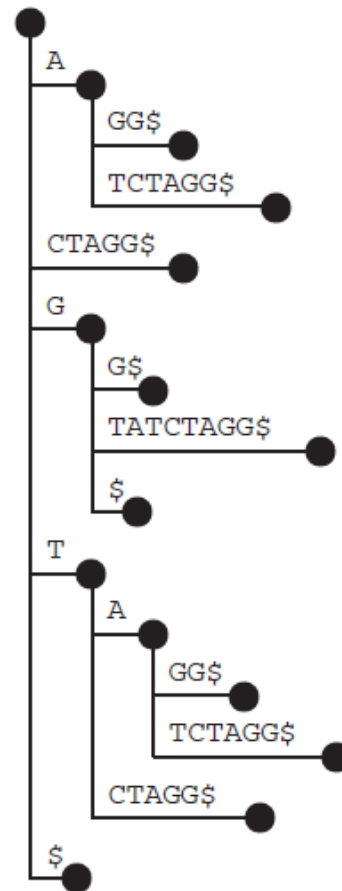


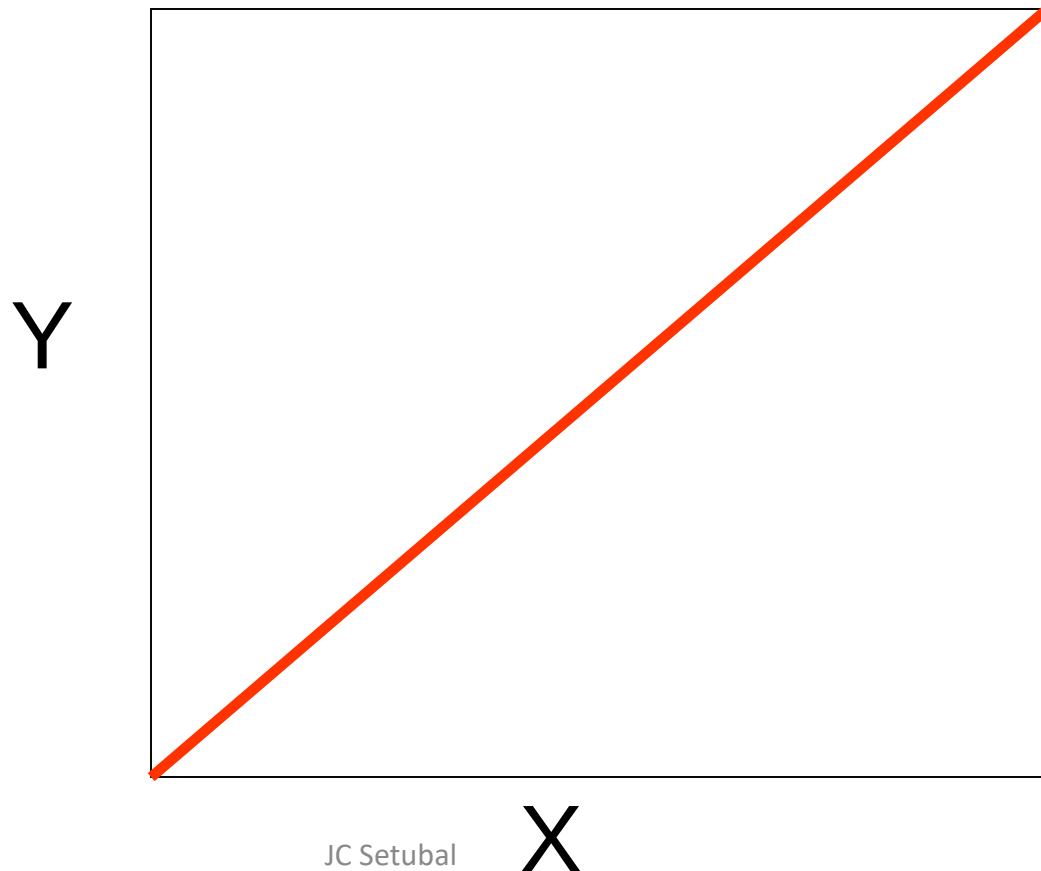
FIGURE 3.19

An example of a suffix tree for string GTATCTAGG. A dollar sign marks the end of the string.

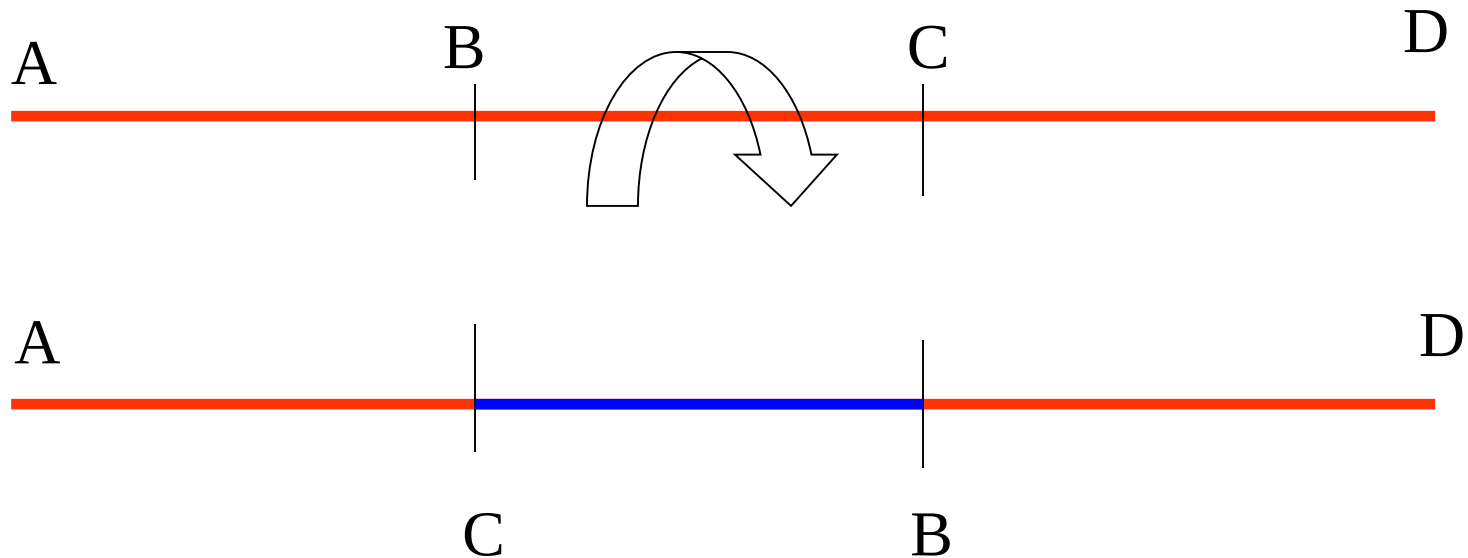
- Alinhamentos de cromossomos podem revelar rearranjos genômicos

Alinhamentos de cromossomos

Se as sequências (X e Y) fossem idênticas, veríamos isto num dotplot:

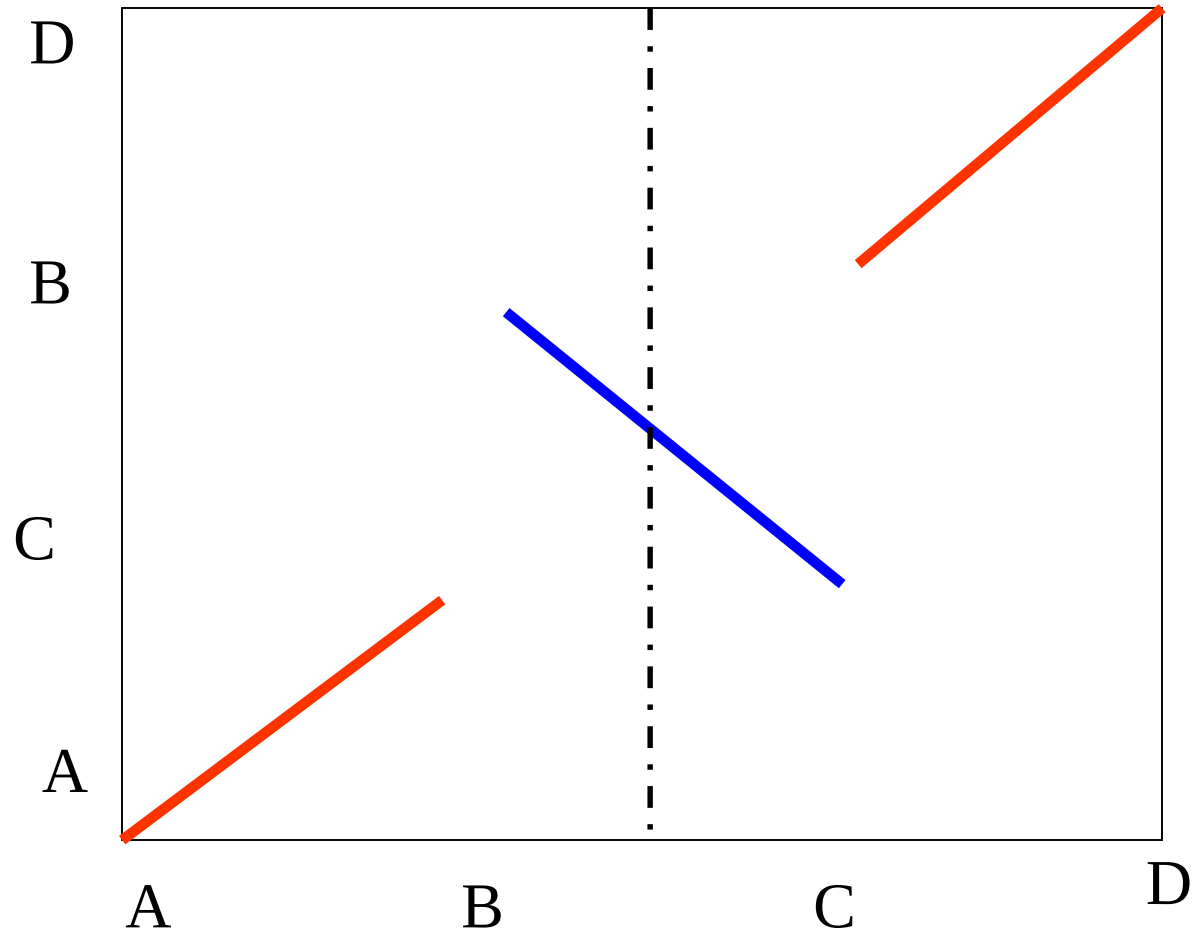


Suponha agora que houve uma **inversão** na sequência X



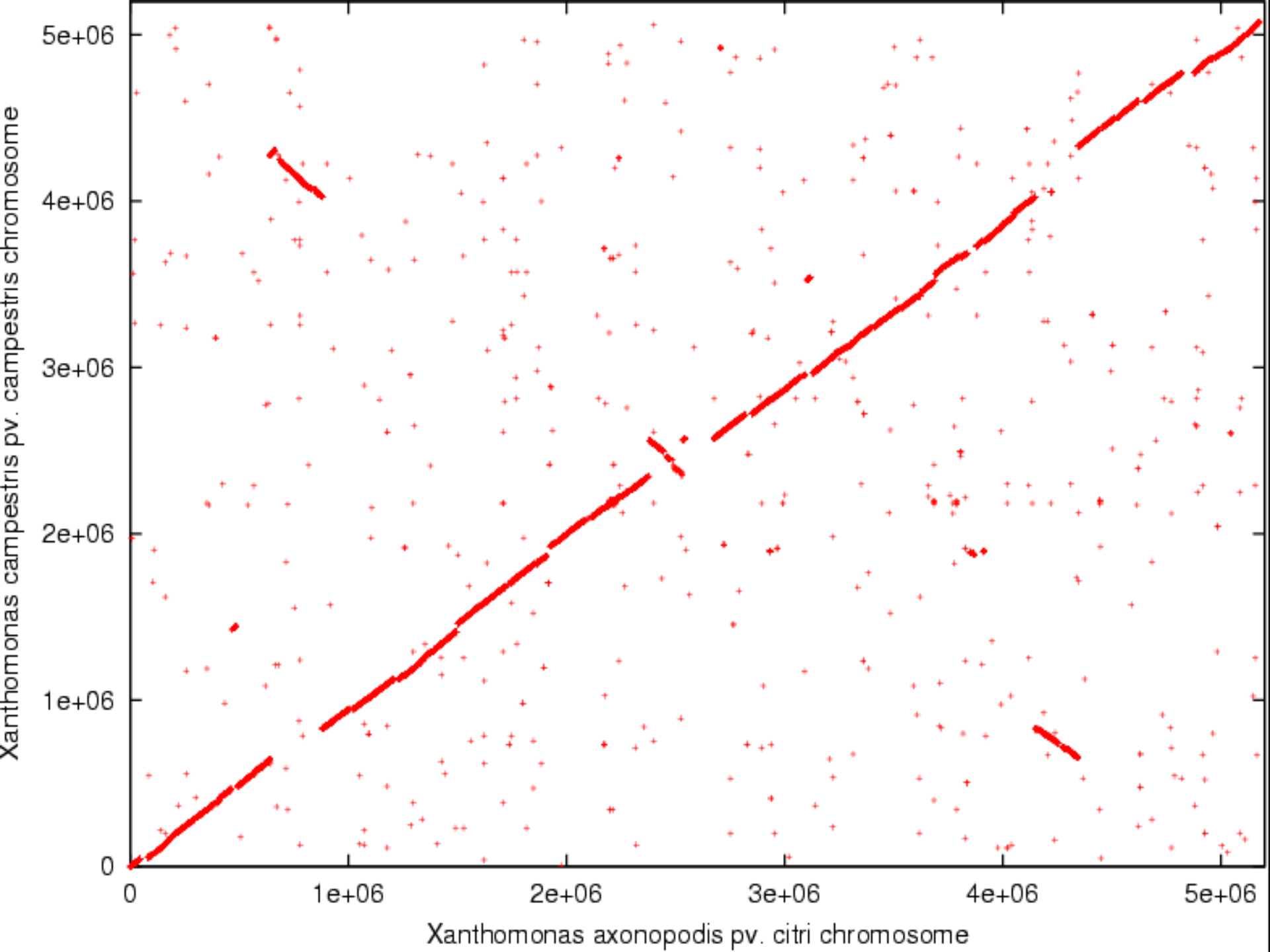
As letras são apenas rótulos para identificar posições ao longo das sequências

O dotplot entre X com inversão e Y ficaria assim



Such inversions seem to happen around
the *origin or terminus of replication*

Vamos ver agora alguns exemplos de alinhamentos reais de cromossomos de diferentes bactérias



AtuC58-ciroChrom-1.2

2.5e+06

2e+06

1.5e+06

1e+06

500000

0

14 October 2022

500000

1e+06

1.5e+06

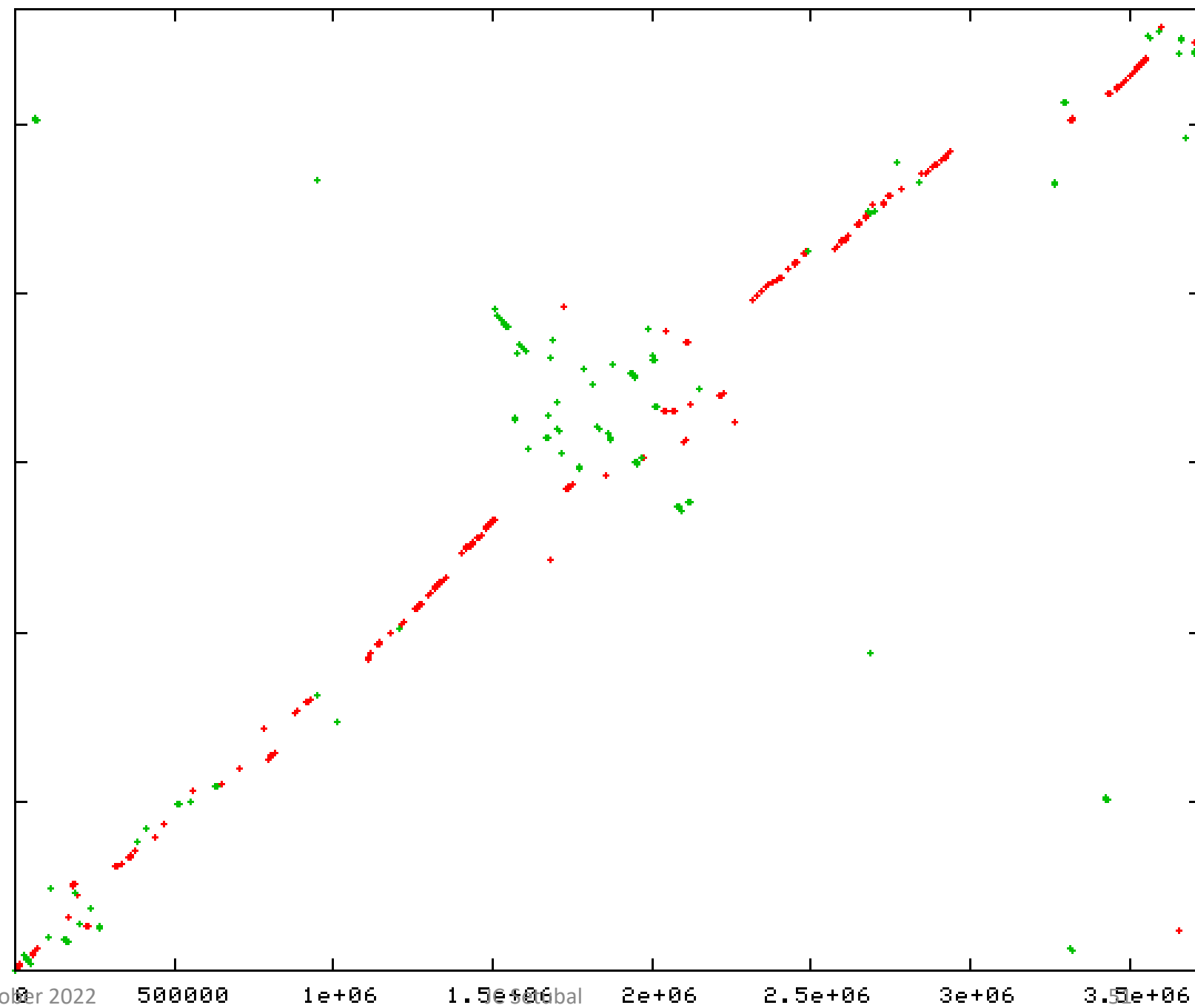
2e+06

2.5e+06

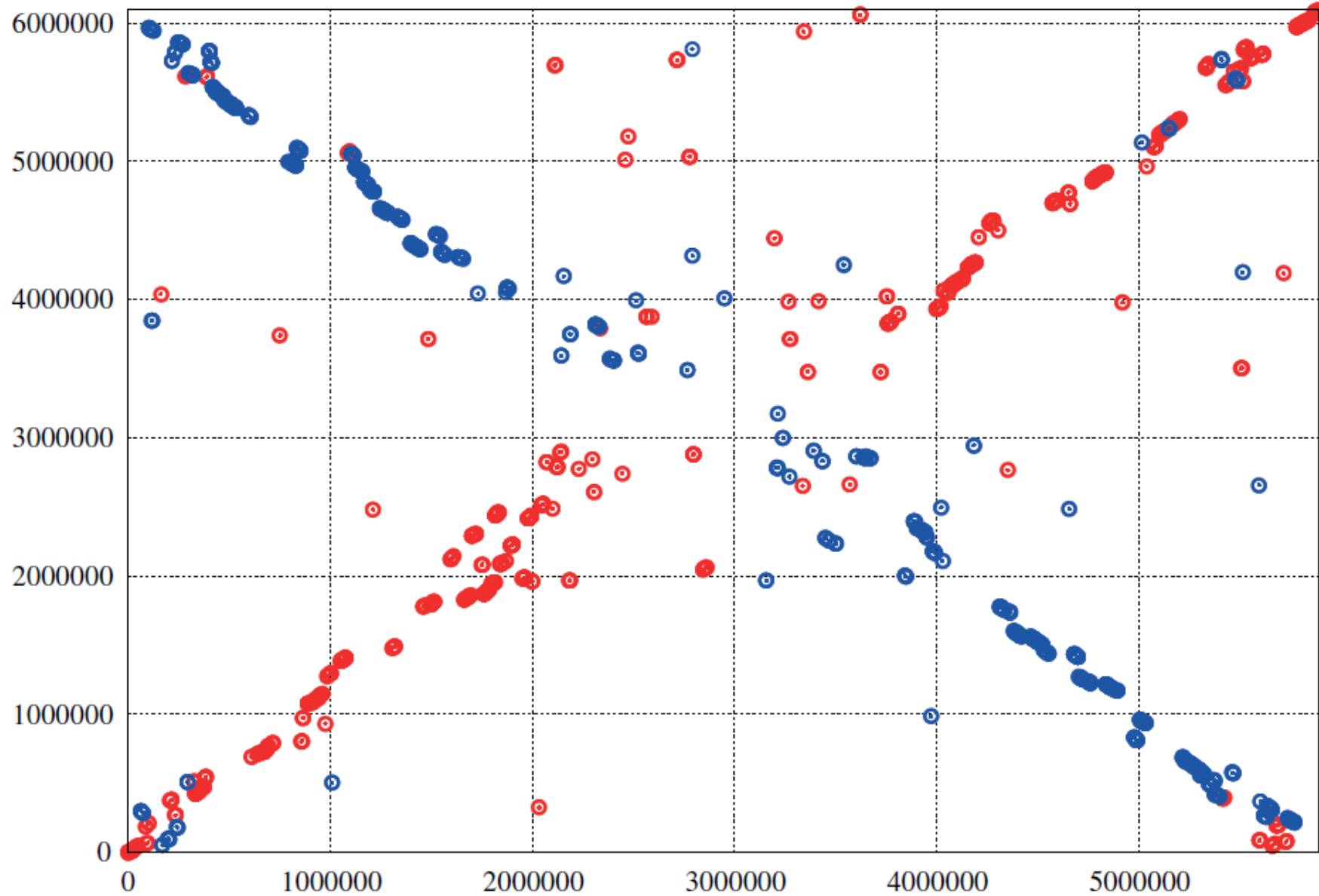
3e+06

3.5e+06

c1.fasta



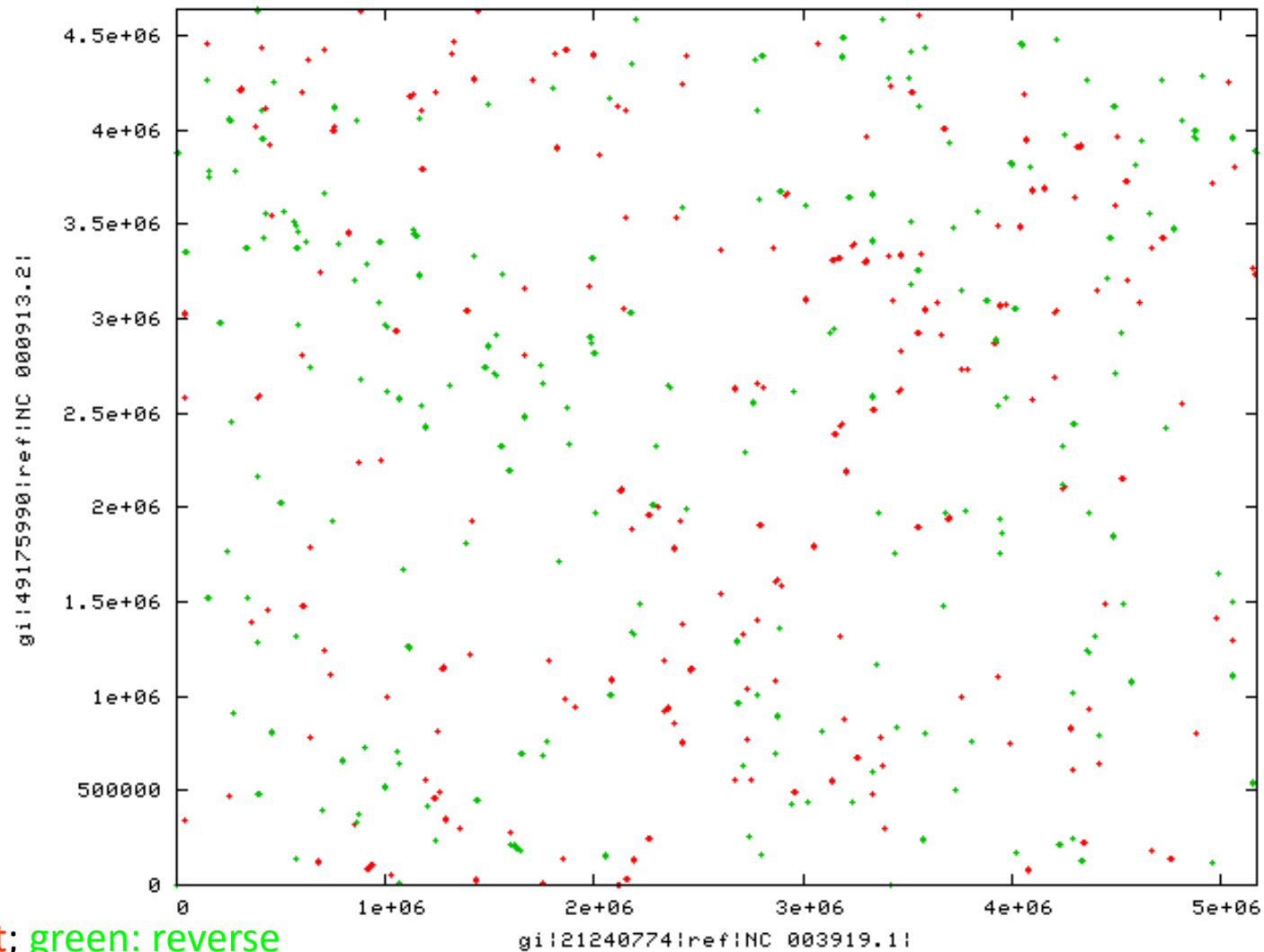
Pseudomonas syringae pv B728a



Pseudomonas entomophila L48

E. coli K12

Promer alignment

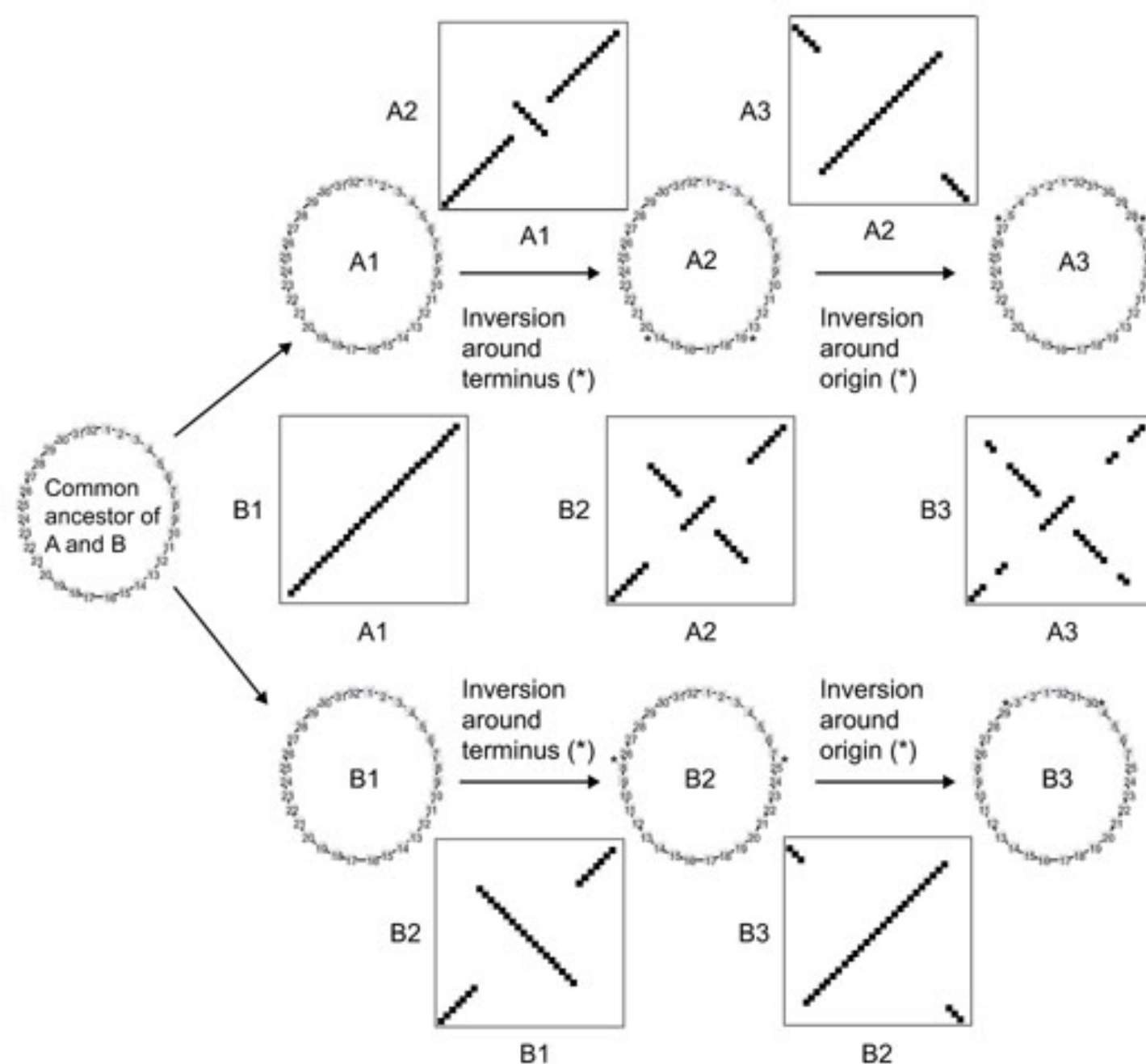


Xanthomonas axonopodis pv *citri*

Both are γ proteobacteria!

Observações

- Todos os alinhamentos menos o ultimo apresentam um padrão em X
- como explicar?
- J. Eisen et al. (2000) propuseram um modelo para explicar esse padrão
- Esse modelo supõe repetidas inversões ocorrendo nos cromossomos de espécies descendentes de um mesmo ancestral



E o último alinhamento?

- Aquele que alinhou *Xanthomonas citri* com *Escherichia coli*
- Resultou numa **nuvem de pontos**
- de acordo com o modelo, a explicação seria
 - houve tantas inversões nesses 2 cromossomos ao longo do tempo (milhões de anos), que o sinal da diagonal se perdeu totalmente