

# BIOEDIT: um software para alinhamento de genes e construção de árvores evolutivas

Uma das técnicas mais utilizadas para o estudo de sequências gênicas é o alinhamento sequencial. Esta técnica visa a comparação de sequências biológicas (gênicas ou proteicas) na tentativa de fazer um “pareamento” entre seus caracteres (bases nitrogenadas ou aminoácidos). A utilização desta ferramenta é abrangente e pode ser aplicada à identificação de *motifs* conservados, e de suas estruturas secundárias e terciárias; construção de árvores filogenéticas, cladogramas e dendogramas; busca em bancos de dados (*data-mining*) e busca de sequências homólogas. O alinhamento é amplamente abordado em aulas de genética e bioinformática de diversos cursos, constando na ementa de várias disciplinas. Ao ensinar este conteúdo, é imprescindível que o professor, após uma abordagem teórica, utilize uma ferramenta de alinhamento para uma prática computacional.

**Rafael Trindade Maia**

Universidade Federal de Campina Grande, Centro de Desenvolvimento Sustentável do Semiárido, Sumé, PB

Autor para correspondência: rafael.rafatrin@gmail.com

**Palavras-chave:** filogenia, edição de sequências, DNA, cladograma, ensino de genética, banco de dados

Existem diversos algoritmos para a execução de alinhamentos e muitos estão disponíveis por meio de servidores na internet e *softwares* gratuitos para uso acadêmico. O Bioedit é um desses *softwares* distribuído gratuitamente no sítio <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/page2.html>. Foi apontado como o programa de alinhamento mais utilizado

no mundo inteiro, possui uma interface interativa e de fácil uso, aceitando diversos formatos de arquivos de entrada (Figura 1). O programa possui diferentes versões para rodar em sistema Windows, podendo também ser utilizado no sistema linux através de um emulador como, por exemplo, o emulador Wine (<https://www.winehq.org/>).

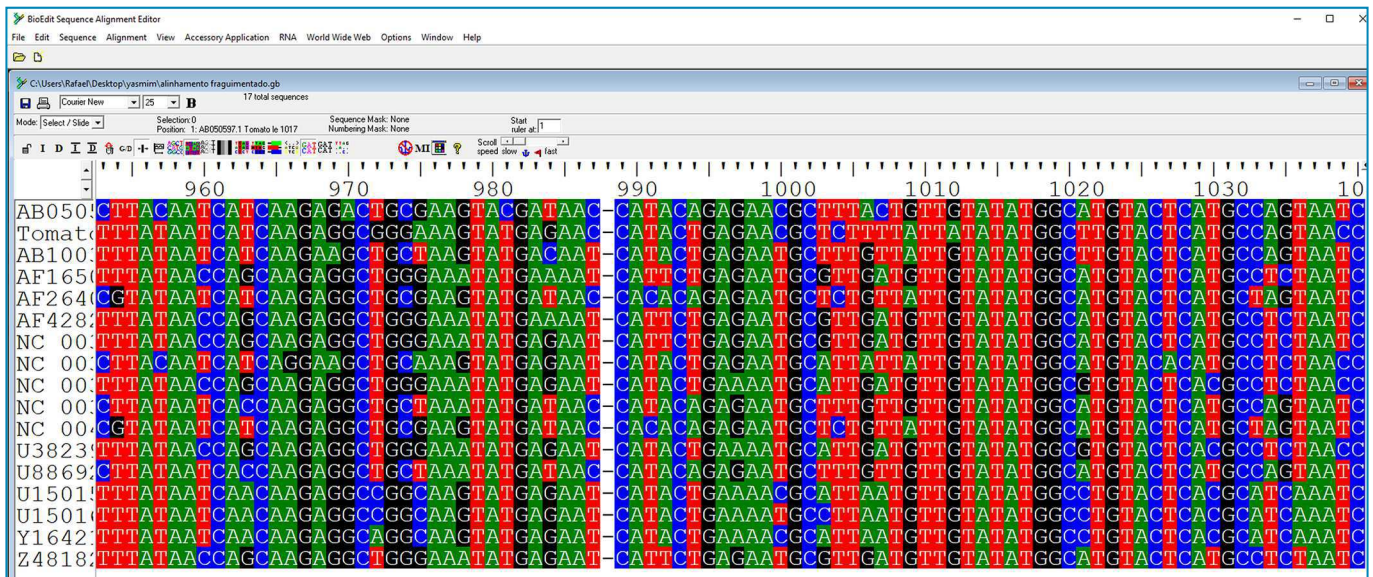


Figura 1.

Imagem do *software* Bioedit. Fonte: Dados do autor.

Dentre as ferramentas disponíveis no Bioedit pode-se destacar o algoritmo de alinhamento global e múltiplo CLUSTALW; as opções de edição manual de sequências e os métodos de construção de árvores como: Neighbor-Joining (NJ), Consenso, e UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean); possui também opções para personalizar penalidades. É bastante utilizado em combinação com o Chromas (<http://technelysium.com.au/wp/chromas/>) para alinhamento e correção de dados de sequenciamento.

É possível utilizar o Bioedit para diversas atividades, tanto em aula, quanto na pesquisa científica. Professores, estudantes e pesquisadores da área de genética, bioinformática e biologia computacional poderão encontrar neste *software* um amplo conjunto de ferramentas para aulas e análises. Recomenda-se o seu uso em aulas práticas de alinhamento para que os estudantes adquiram familiaridade com este programa e suas aplicabilidades.

