

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/>).

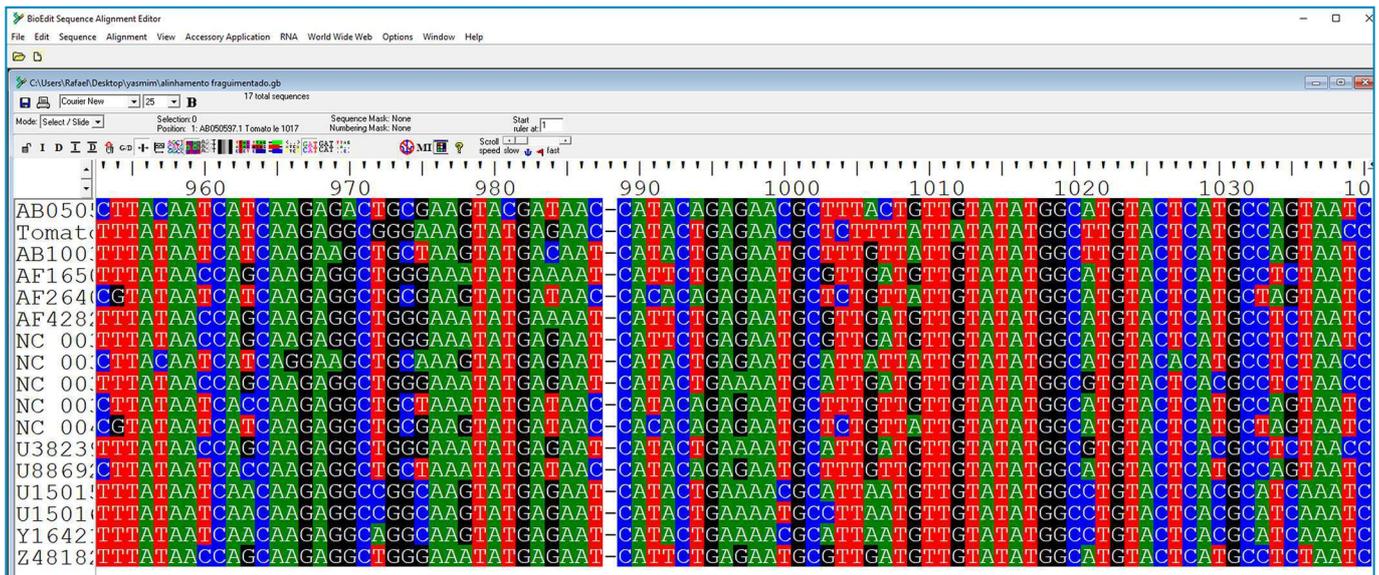


Figura 1.

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.

