

GENÉTICA CLÍNICO-LABORATORIAL

Aula 6

Licenciatura em Ciências Biomédicas Laboratoriais

2016/17
1º Semestre

Sumário

Genética de Populações

- Variabilidade Genética
- Frequência genotípica e frequência alélica
- Mudanças e interferências na frequência alélica (Hardy-Weinberg)

Evolução Molecular

- Variações genéticas e proteicas
- Filogenia Molecular /Alinhamento de sequências
- Evolução genética
- Conservação genética

Genética de Populações

Genética de populações é um ramo da genética que estuda a constituição genética de grupos de indivíduos e como varia a composição genética de um grupo durante o tempo.

Os geneticistas populacionais estudam

Populações Mendelianas: Grupo de indivíduos sexualmente ativos que partilham um mesmo conjunto de genes (*pool genética*).

Uma população Mendeliana evolui através das mudanças na sua *pool genética*; assim que, a genética das populações também estuda **evolução**.

Genética de Populações

Os profissionais que se dedicam à genética de populações estudam:

- A variação de alelos dentro de grupos populacionais
- A variação de alelos entre grupos populacionais
- As forças evolucionárias responsáveis pela modelação dos padrões de **variabilidade genética** encontrados na natureza.

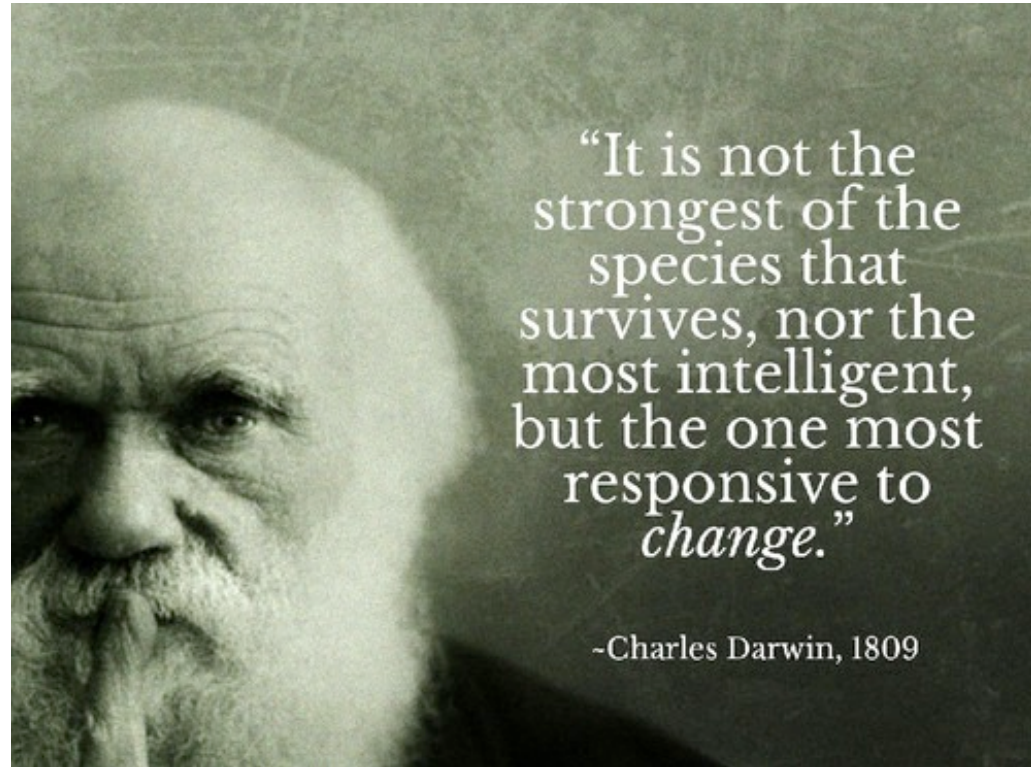


Genética de Populações – Variabilidade Genética

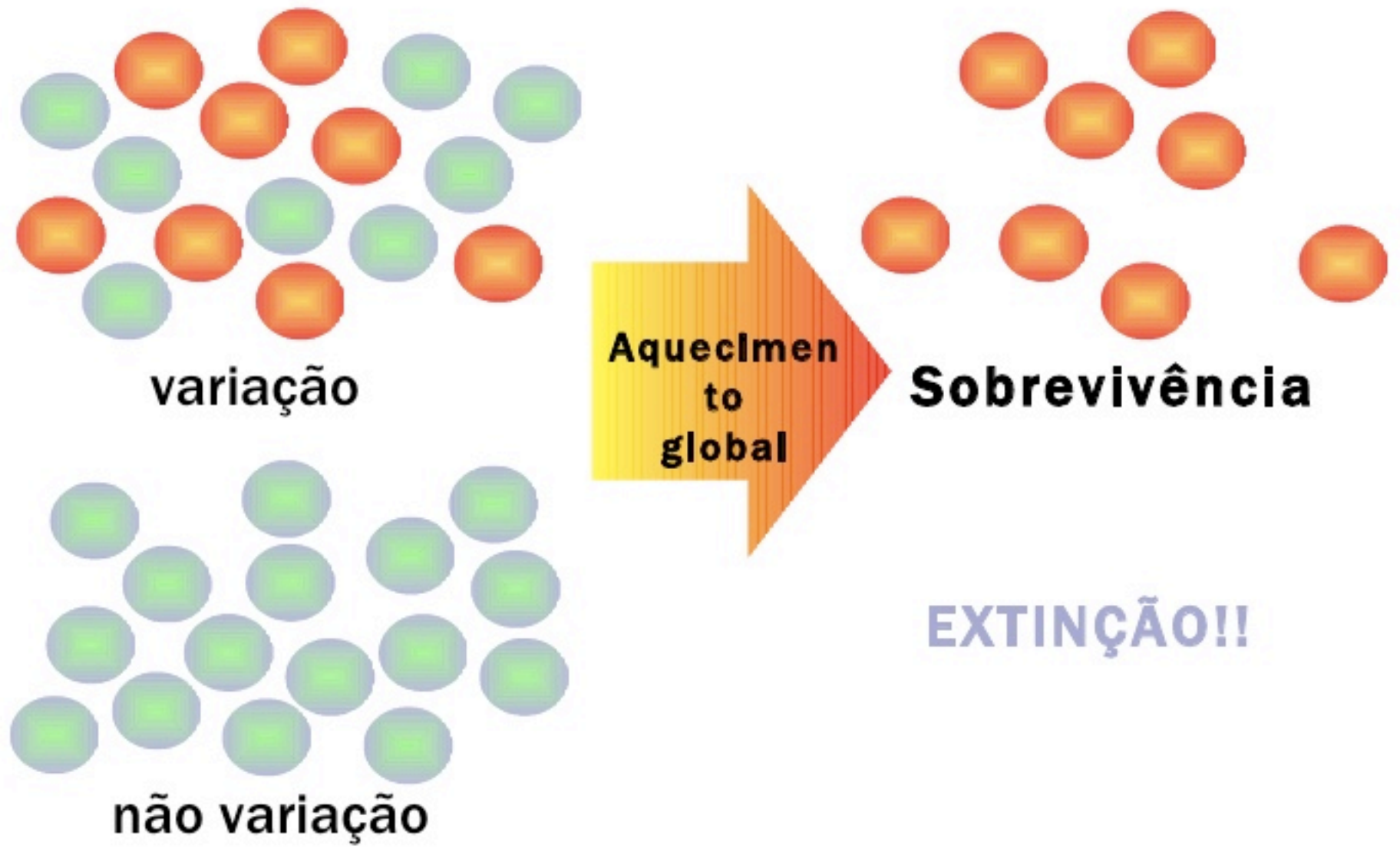
- A variabilidade genética esta presente na população e é visível através da variabilidade de fenótipos existentes.
- Foi esta variabilidade genética que levou Charles Darwin até à ideia de **evolução** através da **Seleção Natural**.
- Existe mais variabilidade genética do que apenas aquela possível de visualizar através do fenótipo.
- A grande maioria da variabilidade genética existe a nível molecular, uma vez que o código genético é redundante.

Genética de Populações – Variabilidade Genética

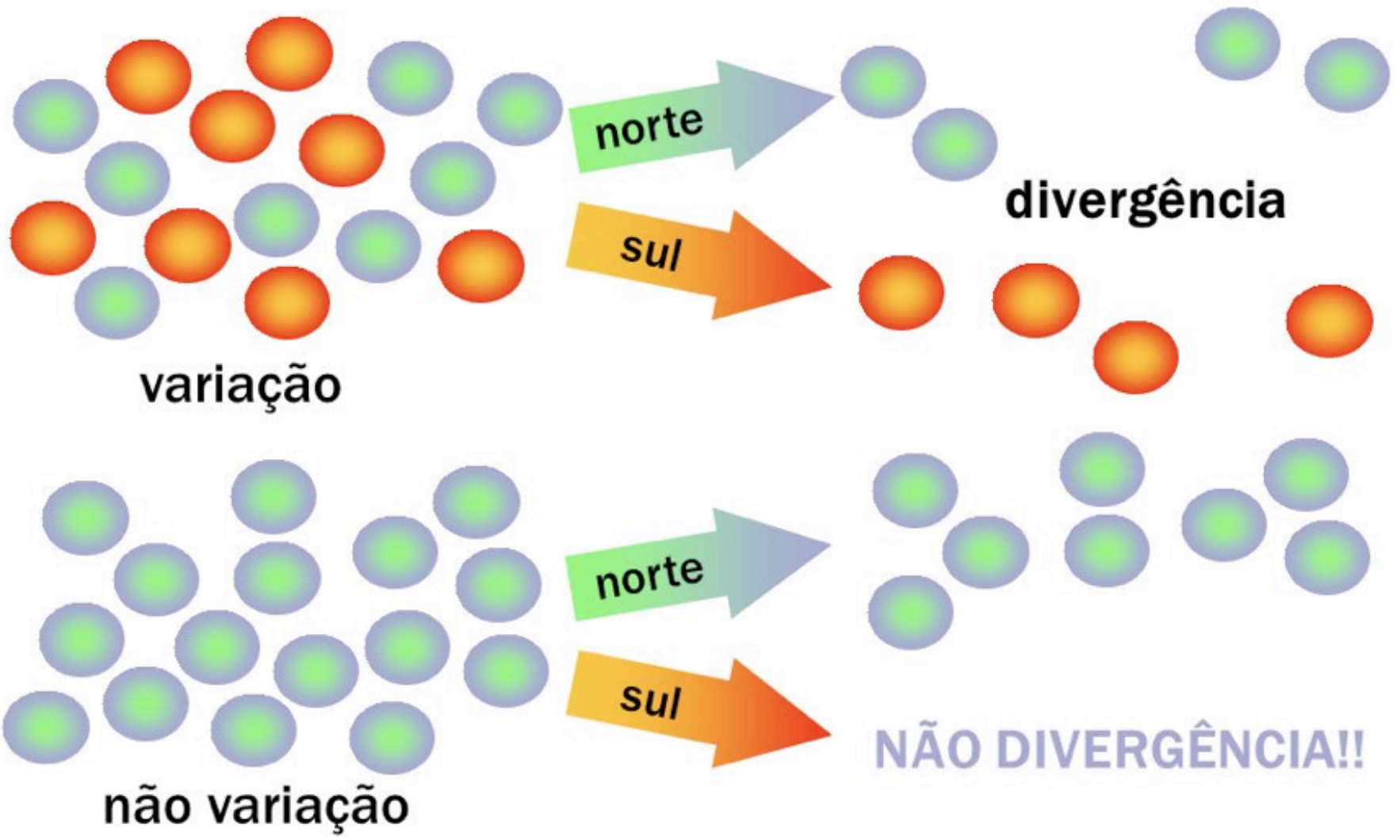
- A quantidade de variabilidade genética dentro de uma população natural e as forças que limitam e modelam essa variabilidade constituem um dos maiores interesses da genética populacional
- A variação genética é a base de toda a evolução.
- A quantidade de variabilidade genética dentro de uma população determina o seu potencial de adaptação a mudanças ambientais



Genética de Populações – Variabilidade Genética

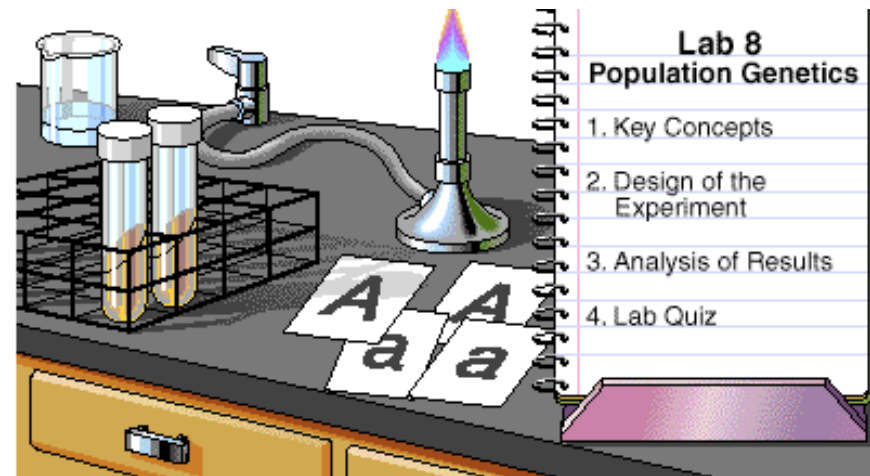


Genética de Populações – Variabilidade Genética



Genética de Populações

- Usa modelos matemáticos para explorar processos de evolução que modelam a variabilidade genética.
- Os factores que influenciam o processo são representados por variáveis numa equação.
- A equação define a forma como cada variável influencia o processo.



Genética de Populações

- Antes de explorar a evolução de uma população é necessário descrever a estrutura genética da população através de:

- **Frequências Genotípicas**

- **Frequências Alélicas**



- Diz-se que uma população está em **equilíbrio genético** quando a sua **pool genética** se mantém inalterada durante várias gerações sucessivas
- Quando verificadas alterações na *pool* genética de uma população diz-se que a população está evoluindo

Genética de Populações

Teorema de Hardy-Weinberg (1908)



Em populações infinitamente grandes, com cruzamentos ao acaso, que não sejam afetadas por fatores evolutivos como:

1. Mutações
2. Seleção Natural
3. Migrações

Não haverá alteração da *pool* genética, isto é as frequências genotípicas e as frequências alélicas são constantes

Genética de Populações

Numa população em equilíbrio genético, para uma determinada característica existem dois alelos, o dominante (A) e o recessivo (a).

A soma das frequências dos dois alelos (frequências alélicas) na população é de 100%

$$f(A) + f(a) = 100\%$$

Sendo que $f(A) = p$ e $f(a) = q$, então:

$$p + q = 1$$

Genética de Populações

Na mesma população existem 3 genótipos possíveis: homozigótico dominante (AA), heterozigótico (Aa) e homozigótico (aa).

A soma das frequências alélicas dos 3 genótipos na população é de 100%.

$$f(AA) + f(Aa) + f(aa) = 100\%$$

Sendo: $f(AA) = p^2$, $f(Aa) = 2pq$ e $f(aa) = q^2$, então:

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

Genética de Populações

Aplicação do Teorema de Hardy-Weinberg

Uma população em equilíbrio genético é distribuída da seguinte forma para os alelos **A** e **a**:

AA	640 indivíduos
Aa	320 indivíduos
aa	40 indivíduos
Total	1.000 indivíduos

Quais as frequências genotípicas e alelicas ?

Genética de Populações

Frequência Alélica:

Numero total de alelos: 2000

Numero total de alelos A: $1280 + 320 = 1600$

Numero de genes a: $80 + 320 = 400$

$$f_{(A)} = p = 1600/2000 = 0,8 = 80\%$$

$$f_{(a)} = q = 400/2000 = 0,2 = 20\%$$

Genética de Populações

Frequências Genotípicas:

$$f_{(A)} = p = 0,8$$

$$f_{(a)} = q = 0,2$$

$$f_{(AA)} = p^2 = (0,8)^2 = 0,64 \text{ ou } 64\%$$

$$f_{(Aa)} = 2pq = 2(0,8 \times 0,2) = 0,32 \text{ ou } 32\%$$

$$f_{(aa)} = q^2 = (0,2)^2 = 0,04 \text{ ou } 4\%$$

Genética de Populações

Teorema de Hardy-Weinberg

- Caracteriza o processo que molda a ***pool* genética** de uma população
- É um modelo matemático que avalia o efeito da reprodução nas frequências genotípicas e alélicas numa população

Genética de Populações

Teorema de Hardy-Weinberg

Assume que:

Se uma população é suficientemente grande, com cruzamentos ao acaso e não é afetada por mutações, migrações ou seleção natural, então:

Ponto 1: as frequências alélicas da população não mudam;

Ponto 2: as frequências genotípicas estabilizam (não mudam) depois de uma geração na proporção de p^2 (frequência de AA), $2pq$ (frequência de Aa), e q^2 (frequência de aa), onde p é igual à frequência do alelo A e q é igual à frequência do alelo a .

Genética de Populações

Alterações às Frequências alélicas

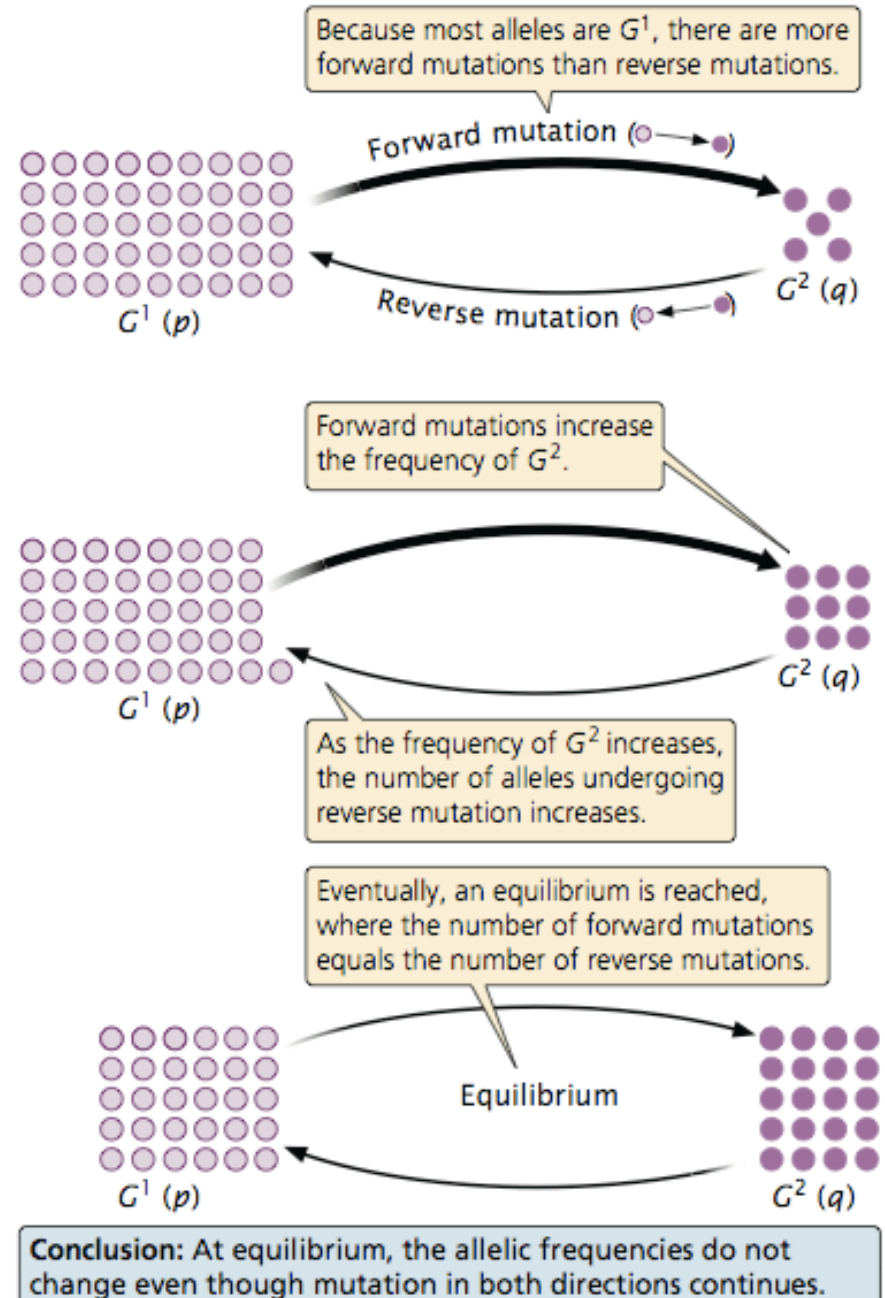
Mutações

- Antes do efeito evolutivo, deve ocorrer mutações para dar origem à variabilidade genética dentro de uma população.
- Toda a evolução dependo do processo de mutação.
- As mutações podem influenciar o rácio em que uma variante genética aumenta à medida que a outra variante diminui.

Genética de Populações

Mutações

- ✓ A ocorrência de mutações recíprocas altera a frequência alélica.
- ✓ Mutações nos dois sentidos (*forward e reverse*) eventualmente conduzem as populações ao equilíbrio



Genética de Populações

Mutações

- ✓ Em equilíbrio as frequências alélicas são determinadas pelos rácios das mutações *forward* e *reverse*.
- ✓ Como os rácios da mutações são baixos, os efeitos das mutações em gerações é bastante pequeno.
- ✓ São necessárias várias gerações para que uma população atinja o equilíbrio de uma mutação.
- ✓ Se as mutações forem a único factor evolutivo numa população, por períodos longos de tempo, o rácio da mutação irá determinar as frequências alélicas.

Genética de Populações

Alterações às Frequências alélicas

Migração

Gene Flow

Influxo de genes de outra população → Alteração na frequências alélicas

O efeito geral das migrações numa população é:

1. Previne a **divergência** genética **entre** as populações
2. Aumenta a **variabilidade** genética **dentro** das populações

Genética de Populações

Migração

- ✓ A migração causa alterações nas frequências alélicas ao introduzir alelos de outras populações
- ✓ A magnitude das alterações depende da quantidade de migrantes e das diferenças nas frequências alélicas entre a população hospedeira e a população migrante.
- ✓ A migração diminui as diferenças genéticas e aumenta a variabilidade genética dentro de uma população.

Genética de Populações

Alterações às Frequências alélicas

Genetic Drift

Deriva/oscilação genética

- ✓ Mecanismo microevolutivo que altera aleatoriamente as frequências alélicas ao longo do tempo.
- ✓ Processo estocástico (ao acaso) que não permite prever a direção da mudança na frequência de um alelo causada pela deriva (*drift*).
- ✓ Resulta na perda de variabilidade genética e na fixação de alelos em diferentes *loci*.

Genética de Populações

Alterações às Frequências alélicas

Genetic Drift

Deriva/oscilação genética

- ✓ Os alelos fixados pelo *drift* podem ser neutros, deletérios ou vantajosos.
- ✓ Nos últimos dois casos, a trajetória da frequência alélica ao longo do tempo será determinada pela interação entre o *drift* e a seleção natural.
- ✓ Efeito do *drift* é maior quanto menor o tamanho da população

Genética de Populações

Alterações às Frequências alélicas

Genetic Drift

Deriva/oscilação genética

- ✓ Efeito do *drift* é maior em populações pequenas, onde o número de gâmetas produzidos vai ser reduzido, limitando a variabilidade genética das gerações seguintes.
- ✓ Este facto é determinado pelo o **erro amostral** (*sampling error*) associado à união dos gâmetas durante a produção da descendências.



Genética de Populações

Genetic Drift

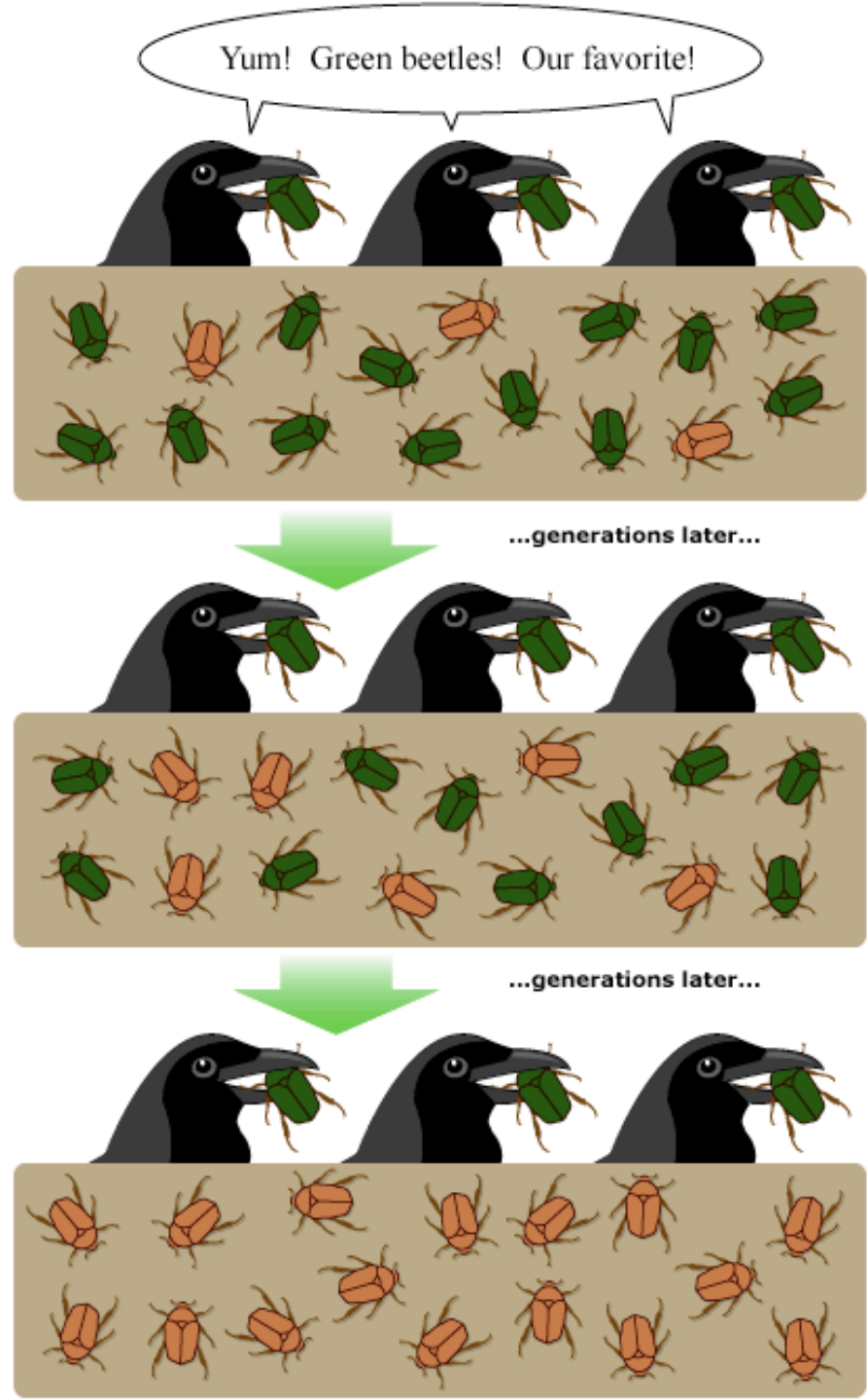
Deriva/oscilação genética

1. Altera as frequências alélicas devido a factores estocásticos
2. A quantidade de alterações nas frequências alélicas devido ao *drift* é inversamente proporcional ao tamanho da população
3. A população diminui quando o numero de indivíduos masculinos e femininos é diferente, potenciando o aparecimento de *genetic drift*
4. Causa a perda de variabilidade genética através da fixação de alelos
5. Potencia a divergência genética entre populações

Genética de Populações

Alterações às
Frequências alélicas

Seleção Natural



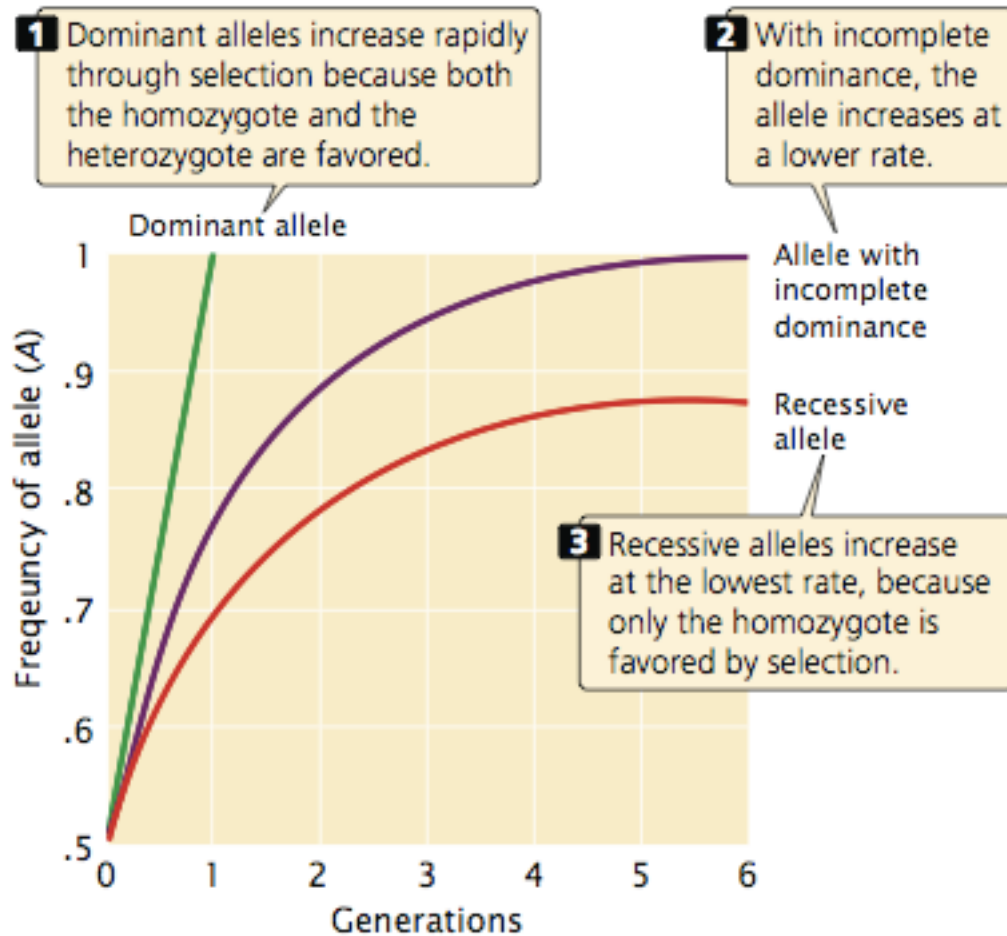
Genética de Populações

Seleção Natural

1. As alterações nas frequências alélicas devido à seleção natural podem ser determinadas por qualquer tipo de característica genética.
2. A magnitude e direção das alterações depende da intensidade da seleção, das relações de dominância entre os alelos e das frequências alélicas.
3. Eventualmente leva à fixação do alelo selecionado.
4. As relações de dominância entre os alelos levam a um estado de equilíbrio com a presença dos dois alelos na população

Genética de Populações

Seleção Natural



As alterações nas frequências alélicas devido à seleção natural dependem das relações de dominância entre os genótipos.

O Gráfico mostra as mudanças nas frequências alélicas para os diferentes tipos de dominância para um coeficiente de seleção constante.

Genética de Populações

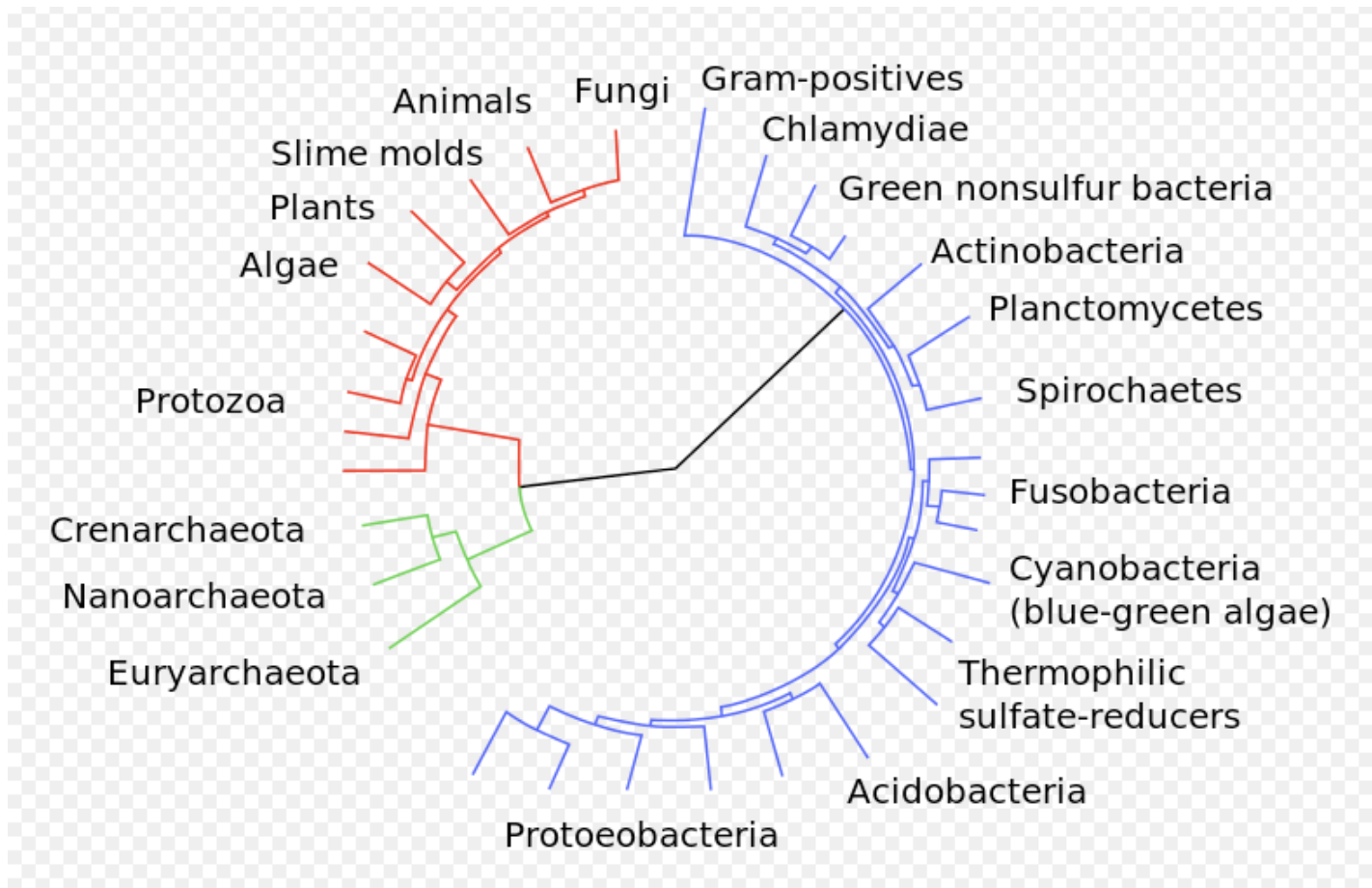
As Mutações, as Migrações, o *Genetic Drift* e a Seleção Natural produzem efeitos diferentes na variabilidade genética **dentro** de uma população e divergência genética **entre** populações

	Within populations	Between populations
Increase genetic variation	Mutation Migration Some types of natural selection	Mutation Genetic drift Some types of natural selection
Decrease genetic variation	Genetic drift Some types of natural selection	Migration Some types of natural selection

Evolução Molecular

Evolução Molecular

- A evolução na genética molecular permite a análise de sequencias de proteínas e ácidos nucleicos. A produção de informação é massiva
- Esta informação oferece um sem fim de vantagens a várias áreas da genética



Evolução Molecular

Vantagens da descodificação de dados Moleculares Genéticos:

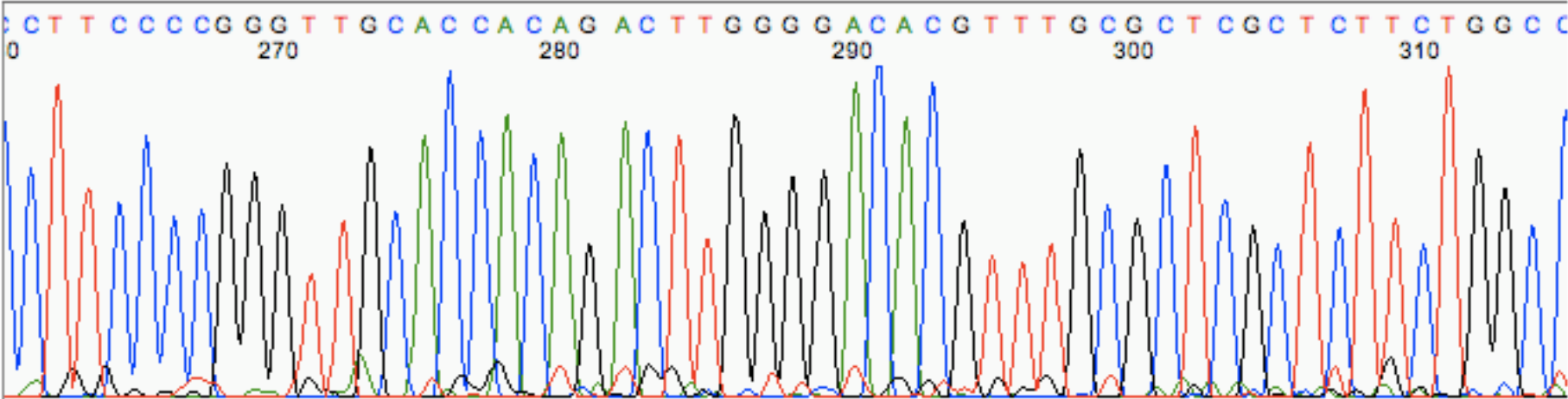
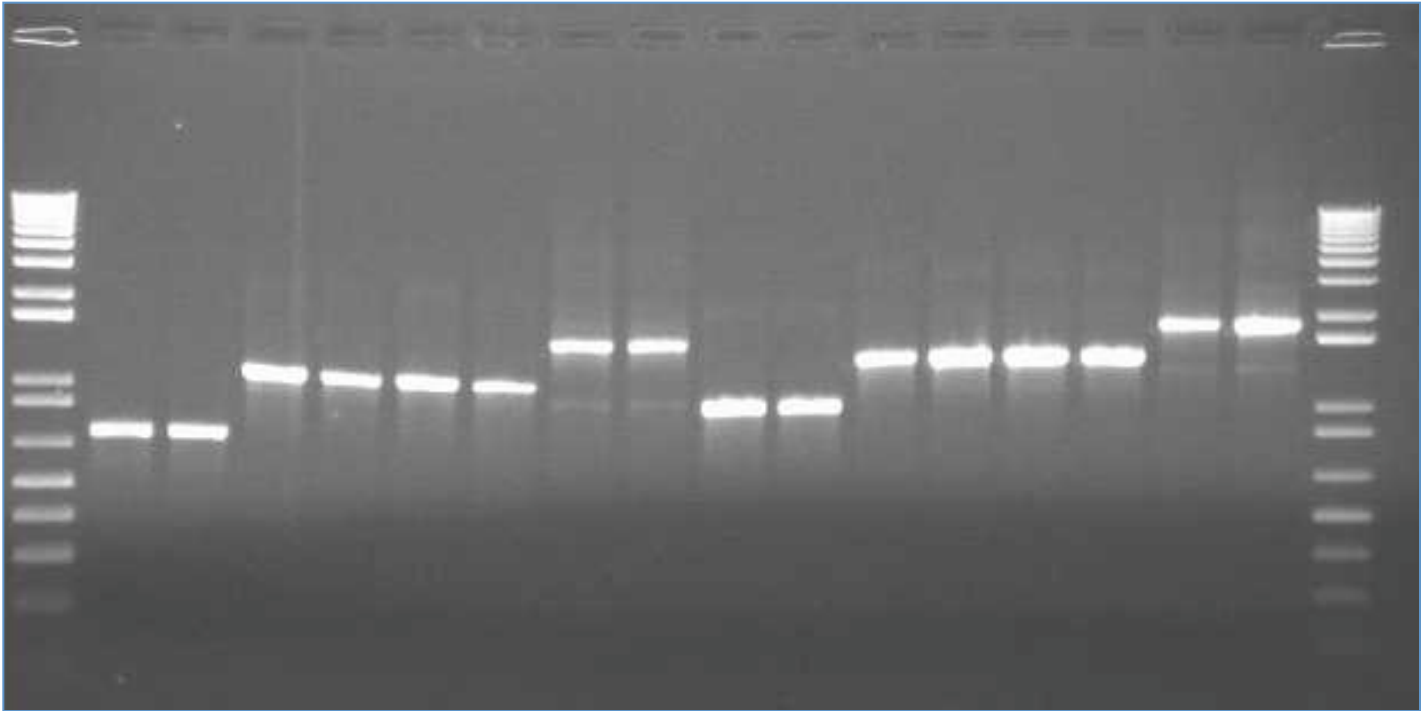
1. A variação na sequência de DNA e proteínas ocorre no genótipo e é fácil de interpretar
2. Os métodos moleculares podem ser usados com todos os organismos
3. Os métodos moleculares podem ser aplicados em todos os organismos e os resultados podem ser comparados
4. Os dados moleculares são quantificáveis, permitindo a comparação de níveis de expressão genética e relações evolutivas
5. As bases de dados que contém os dados moleculares são enormes e continuam a crescer. Existem bases de dados de acesso livre disponíveis online.

Evolução Molecular

Os métodos usados em genética molecular:

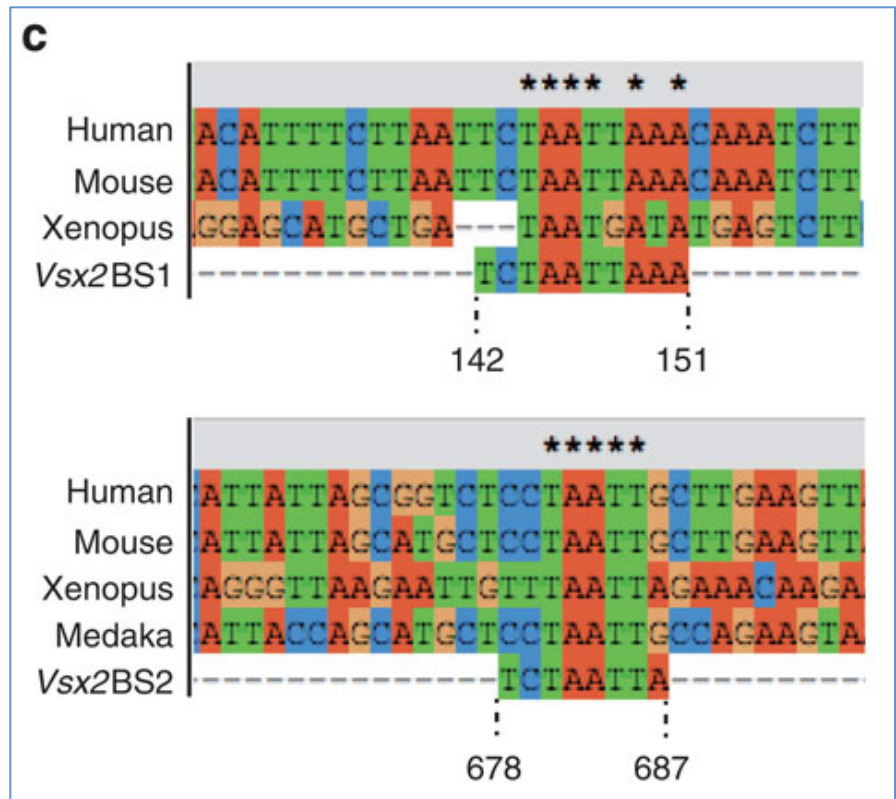
- **PCR** (*Polimerase Chain Reaction*): Amplificação/cópia de sequências de DNA
 - **Clonagem de DNA** em bactérias: em **vetores** ou **vírus**, para a produção de cópias do organismo
 - **qPCR** (*Quantitative Polimerase Chain Reaction*): Quantificação de de sequências de DNA
 - **Electroforese** de Ácidos Nucleicos e Proteínas: separação/purificação de fragmentos de DNA ou proteínas
 - **Sequenciação** de fragmentos de DNA
- ✓ **Bases de dados genéticas**

Evolução Molecular



Evolução Molecular

Métodos em genética molecular



{12x161}

			-----10-----20-----30-----40-----50-----60-----70-----
Human_alpha_Hb	1	143	-----MVLSPARTINVAANGVGAHAGGYGAEALFHFLSFPTTITYFPHF-----L LSHGSAQVGHGKVAE
Cow_alpha_Hb	1	143	-----MVLSAATKGNVAANGVGGHAAFGAEALFHFLSFPTTITYFPHF-----L LSHGSAQVGHGKVAE
Chicken_alpha_Hb	1	143	-----MVLSAATKNNVGIPTIAGHAFYGAETLEMETTYPPTITYFPHF-----L LSHGSAQI GHGKVAE
Shark_alpha_Hb	1	149	STSTSTSLYSARLRAELRALSLVLAQNPEAFGAEALAMFTVYARTISYFSDY-----LFTAAAPSI AHGKVAE
Human_beta_Hb	1	148	-----MVAHLTPEKSAVTAALUGVYV--VIEVGGGALGALLVWYPTQFFSFEDLSTFIAVMGNPVAHGKAVLG
Cow_beta_Hb	1	146	-----HLTAEKAAVTAFLUGVYV--VIEVGGGALGALLVWYPTQFFSFEDLSTAIAMNPNVAHGKAVLI
Chicken_beta_Hb	1	148	-----MVAHTALEGLITGLUGVYV--VAECGAEALAPLLIVYPTQFFSFENLSSPTAILGNPMVAHGKAVLI
Shark_beta_Hb	1	142	-----VHASEVELHEITTWKSI--HSLGAEALAMFIVYPTTITYFENL-----LFTACSQVGHGKAVTG
Human_Mb	1	155	-----MGLSDGEWQLVNLNUGVYVADIPGHGQEVLIPLFVGHPTLEKFDNFHLVSEDEMASEDLKHHGATVLT
Cow_Mb	1	155	-----MGLSDGEWQLVNLNUGVYVADVAGHGQEVLIPLFTGHPTLEKFDNFHLVTEASHASEDLKHHGNTVLT
Chicken_Mb	1	154	-----GLSDGEMQQLTINQVYVADVAGHGQEVLMPLFVGHPTLEKFDNFGLVTFIDMASEDLKHHGATVLT
Shark_Mb	1	149	-----TEMEHVNVAWVPEIPAVGLAILLPLFVGHPTLEKFDNFVPIVQGLGNEDLKHGQTVLT

Evolução Molecular – bases de dados

- NCBI Home
- Resource List (A-Z)
- All Resources
- Chemicals & Bioassays
- Data & Software
- DNA & RNA
- Domains & Structures
- Genes & Expression
- Genetics & Medicine
- Genomes & Maps
- Homology
- Literature
- Proteins
- Sequence Analysis
- Taxonomy
- Training & Tutorials
- Variation

Welcome to NCBI

The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

[About the NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News](#)

Submit

Deposit data or manuscripts into NCBI databases



Download

Transfer NCBI data to your computer



Learn

Find help documents, attend a class or watch a tutorial



Develop

Use NCBI APIs and code libraries to build applications



Analyze

Identify an NCBI tool for your data analysis task



Research

Explore NCBI research and collaborative projects



Popular Resources

[PubMed](#)

[Bookshelf](#)

[PubMed Central](#)

[PubMed Health](#)

[BLAST](#)

[Nucleotide](#)

[Genome](#)

[SNP](#)

[Gene](#)

[Protein](#)

[PubChem](#)

NCBI Announcements

Outdated Genomes FTP directories will be archived on November 30, 2015

27 Oct 2015

At the end of November 2015, many outdated Genomes FTP directories will

GenBank release 210.0 is now available via FTP

21 Oct 2015

Evolução Molecular – bases de dados

NCBI Resources Sign in to NCBI

NCBI National Center for Biotechnology Information

NCBI Home

Resource List (A-Z)

- All Resources
- Chemicals & Bioassays
- Data & Software
- DNA & RNA
- Domains & Structures
- Genes & Expression
- Genetics & Medicine
- Genomes & Maps
- Homology
- Literature
- Proteins
- Sequence Analysis
- Taxonomy
- Training & Tutorials
- Variation

All Databases

- Assembly
- BioProject
- BioSample
- BioSystems
- Books
- ClinVar
- Clone
- Conserved Domains
- dbGaP
- dbVar
- Epigenomics
- EST
- Gene
- Genome
- Genome
- GEO DataSets
- GEO Profiles
- GSS
- GTR
- HomoloGene
- MedGen
- MeSH
- NCBI Web Site
- NLM Catalog
- Nucleotide
- OMIM
- PMC
- PopSet
- Probe
- Protein
- Protein Clusters
- PubChem BioAssay
- PubChem Compound
- PubChem Substance
- PubMed
- PubMed Health
- SNP
- SRA
- Structure
- Taxonomy
- ToolKit
- ToolKitAll
- ToolKitBook
- UniGene

Home to NCBI

National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to and genomic information.

[Home to NCBI](#) | [Mission](#) | [Organization](#) | [NCBI News](#)

Submit
Submit data or manuscripts
to public databases

Download
Transfer NCBI data to your
computer

Learn
Find help documents, attend a
class or watch a tutorial

Develop
Use NCBI APIs and code
to build applications

Analyze
Identify an NCBI tool for your
data analysis task

Research
Explore NCBI research and
collaborative projects

Popular Resources

- PubMed
- Bookshelf
- PubMed Central
- PubMed Health
- BLAST
- Nucleotide
- Genome
- SNP
- Gene
- Protein
- PubChem

NCBI Announcements

Outdated Genomes FTP directories will be archived on November 30, 2015
27 Oct 2015

At the end of November 2015, many outdated Genomes FTP directories will

GenBank release 210.0 is now available via FTP
21 Oct 2015

GenBank release 210.0 (10/15/15) has 188.372.017 non-WGS, non-CON records

New on the NCBI YouTube channel:
[Learn how to view track sets and store](#)

Evolução Molecular – bases de dados

[Genomes](#)[Genome Browser](#)[Tools](#)[Mirrors](#)[Downloads](#)[My Data](#)[Help](#)[About Us](#)

Human (*Homo sapiens*) Genome Browser Gateway

The UCSC Genome Browser was created by the [Genome Bioinformatics Group of UC Santa Cruz](#).
Software Copyright (c) The Regents of the University of California. All rights reserved.

group	genome	assembly	position	search term
<input type="text" value="Mammal"/>	<input type="text" value="Human"/>	<input type="text" value="Mar. 2006 (NCBI36/hg18)"/>	<input type="text" value="chr16:124,173-188,567"/>	<input type="text" value="enter position, gene symbol or search terms"/>

[Click here to reset](#) the browser user interface settings to their defaults. [hg38 replaces hg19 as default human assembly](#)

Human Genome Browser – hg18 assembly ([sequences](#))

The March 2006 human reference sequence (NCBI Build 36.1) was produced by the International Human Genome Sequencing Consortium. For more information about this assembly, see [NCBI36](#) in the NCBI Assembly database.

Sample position queries

A genome position can be specified by the accession number of a sequenced genomic clone, an mRNA or EST or STS marker, or a cytological band, a chromosomal coordinate range, or keywords from the GenBank description of an mRNA. The following list shows examples of valid position queries for the human genome. See the [User's Guide](#) for more information.

Request:	Genome Browser Response:
chr7	Displays all of chromosome 7
20p13	Displays region for band p13 on chr 20
chr3:1-1000000	Displays first million bases of chr 3, counting from p-arm telomere
chr3:1000000+2000	Displays a region of chr3 that spans 2000 bases, starting with position 1000000



Homo sapiens
(Graphic courtesy of [CBSE](#))

Evolução Molecular – bases de dados



[BLAST/BLAT](#)

[BioMart](#)

[Tools](#)

[Downloads](#)

[Help & Documentation](#)

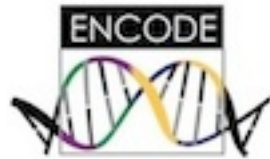
[Blog](#)

[Mirrors](#)

Search: for

e.g. **BRCA2** or **rat 5:62797383-63627669** or **coronary heart disease**

ENCODE data in Ensembl

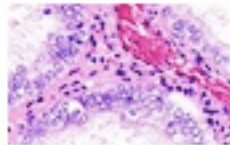


Variant Effect Predictor



[Blog](#) | [Mirrors](#)

Gene expression in different tissues



Find SNPs and other variants for my gene

```
GTATACATTCT  
CRTRAAAGTCTT  
CTTCTAAATTCT  
GRAACATTTTCC
```

Retrieve gene sequence

```
GCCTGACTTCCGGGTGGT  
GGGCTTGTGGCGGAGCT  
GCGCCTCTGCTGCGCCTT  
AGGGGACAGATTTGTGA  
CACCTCTGGAGCGGGTIT  
CCCAATCCAGCGTGGCGT
```

Compare genes across species



Use my own data in Ensembl



Learn about a disease or phenotype



Evolução Molecular

Através da engenharia genética ao nível molecular é possível estudar a expressão dos genes em várias direções:

Etiologia de patologias ao nível genético e proteico

Avaliação de patologias ao nível genético e proteico

Diagnostico e prognostico

Desenhar e Direcionar terapias

Avaliar processos evolutivos

Avaliar a variabilidade genética

Avaliação da variabilidade proteica

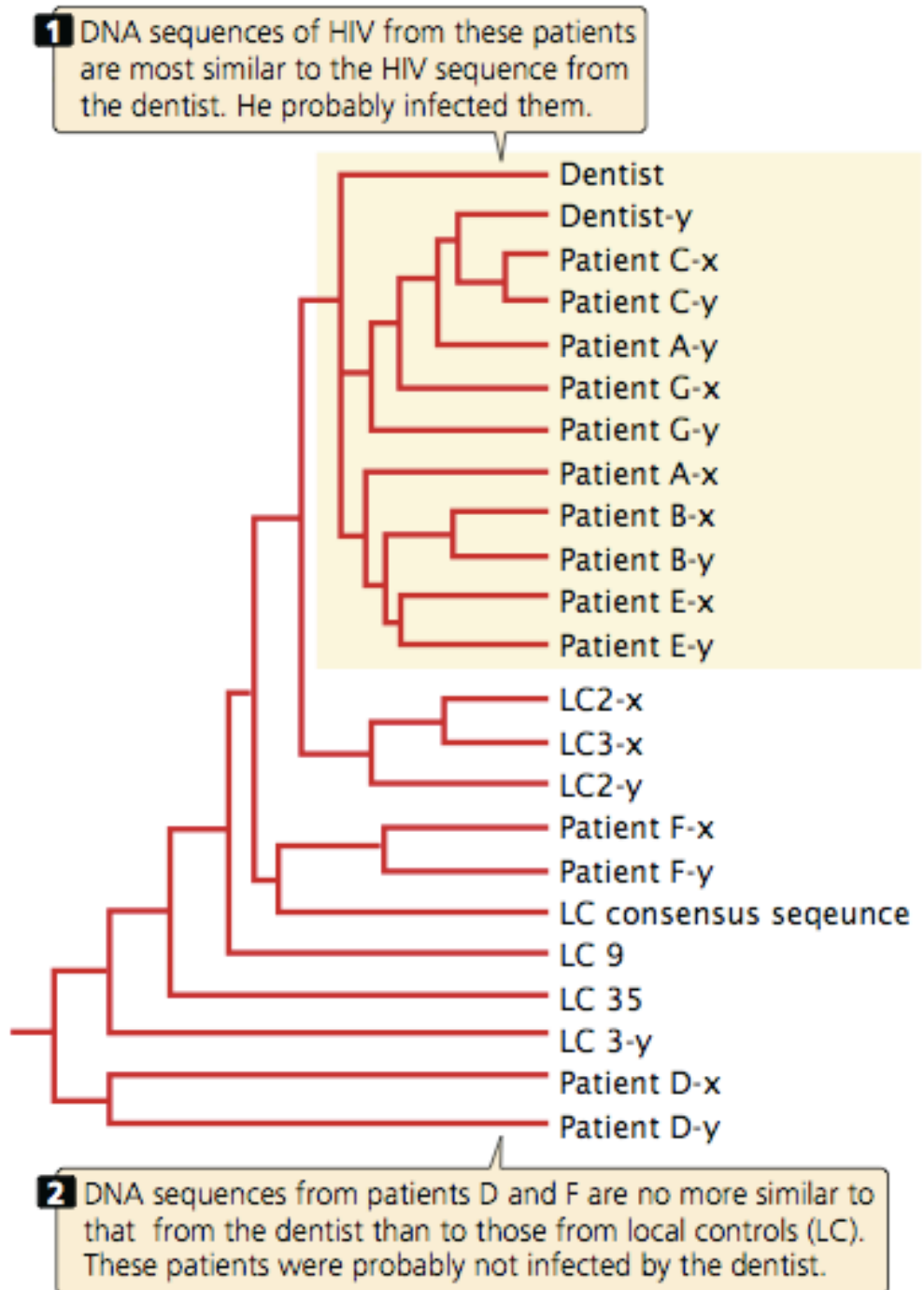
Construção de alinhamentos de sequencias

Construção de árvores filogenéticas

Avaliação de fenótipos ...

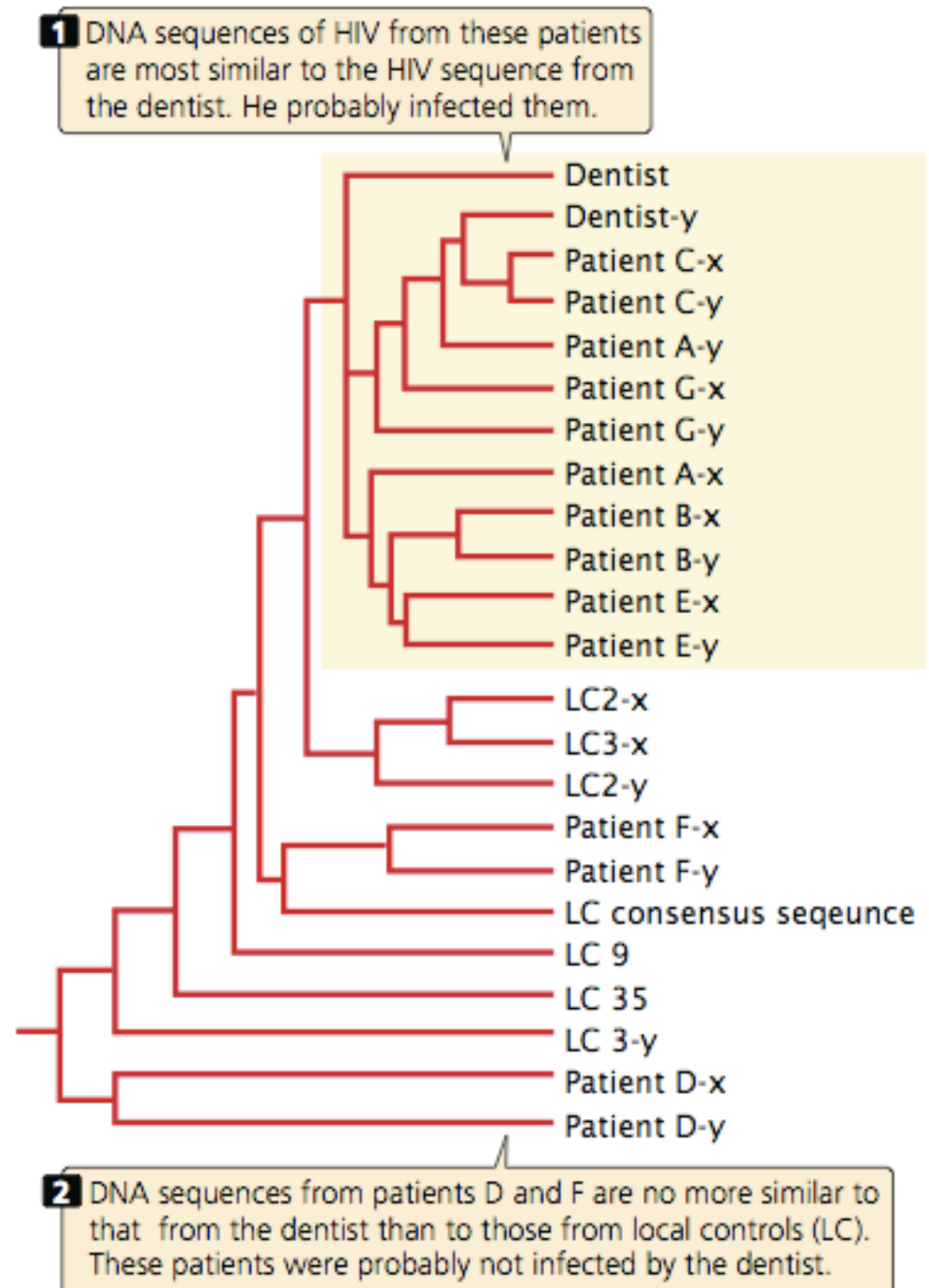
Evolução Molecular

- Árvore filogenética que mostra relações evolutivas entre o vírus de HIV isolado (Florida 1990) de um dentista e dos seus 7 pacientes (de A a G) e outras pessoas também HIV-positivas da mesma região (LC).
- As letras x e y representam estirpes diferentes na mesma pessoa.
- A filogenia foi estabelecida através de sequencias de DNA isoladas do gene do envelope do vírus.



Evolução Molecular

- As sequências virais dos pacientes A, B, C, E e G partem da sequência viral presente no dentista, indicando uma relação evolucionária forte.
- As sequências virais dos pacientes D e F estão mais relacionadas filogeneticamente com as sequências virais das pessoas da região.



(a)

The number 1 indicates an invariant position in the cytochrome c molecule (i.e., all the organisms have the same amino acid in this position). The position is probably functionally very significant.

Side chains marked by red arrows interact with the heme group.

Position in sequence 1 5 10 15 20 25 30
Number of amino acids in different organisms at the position shown 1 3 4 3 2 1 2 3 3 1 4 3 2 1 3 3 1 1 1 3 1 3 2 2 3 2 1 3 1 1 2 1 3 1

- Acidic side chains:**
 D Aspartic acid
 E Glutamic acid
- Basic side chains:**
 H Histidine
 K Lysine
 R Arginine
- Hydrophobic side chains:**
 F Phenylalanine
 I Isoleucine
 L Leucine
 M Methionine
- Other:**
 C Cysteine
 P Proline
 Q Glutamine
 N Asparagine
 S Serine
 T Threonine
 G Glycine
 V Valine
 Y Tyrosine
 W Tryptophan
 A Alanine

Human	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	I	M	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Monkey	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	I	M	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Horse	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Donkey	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Pig	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Dog	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Rabbit	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Kangaroo	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Chicken	G	D	I	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Pigeon	G	D	I	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Duck	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Turtle	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Rattlesnake	G	D	V	E	K	G	K	K	I	F	T	M	K	C	S	Q	C	H	T	V	E	K	G	G	K	H	K	T	G	P	N	L	H	G
Tuna	G	D	V	A	K	G	K	K	T	F	V	Q	K	C	A	Q	C	H	T	V	E	N	G	G	K	H	K	V	G	P	N	L	H	G
Samia cynthia (moth)	G	N	A	E	N	G	K	K	I	F	V	Q	R	C	A	Q	C	H	T	V	E	A	G	G	K	H	K	V	G	P	N	L	H	G
Screwworm fly	G	D	V	E	K	G	K	K	L	F	V	Q	R	C	A	Q	C	H	T	V	E	A	G	G	K	H	K	V	G	P	N	L	H	G
Saccharomyces (baker's yeast)	G	S	A	K	K	G	A	T	L	F	K	T	R	C	A	E	L	C	H	T	V	E	K	G	P	H	K	V	G	P	N	L	H	G
Candida krusei (yeast)	G	S	A	K	K	G	A	T	L	F	K	T	R	C	A	E	C	H	T	I	E	A	G	P	H	K	V	G	P	N	L	H	G	
Neurospora crassa (mold)	G	D	S	K	K	G	A	N	L	F	K	T	R	C	A	E	C	H	E	N	L	T	Q	K	I	G	P	A	L	H	G			

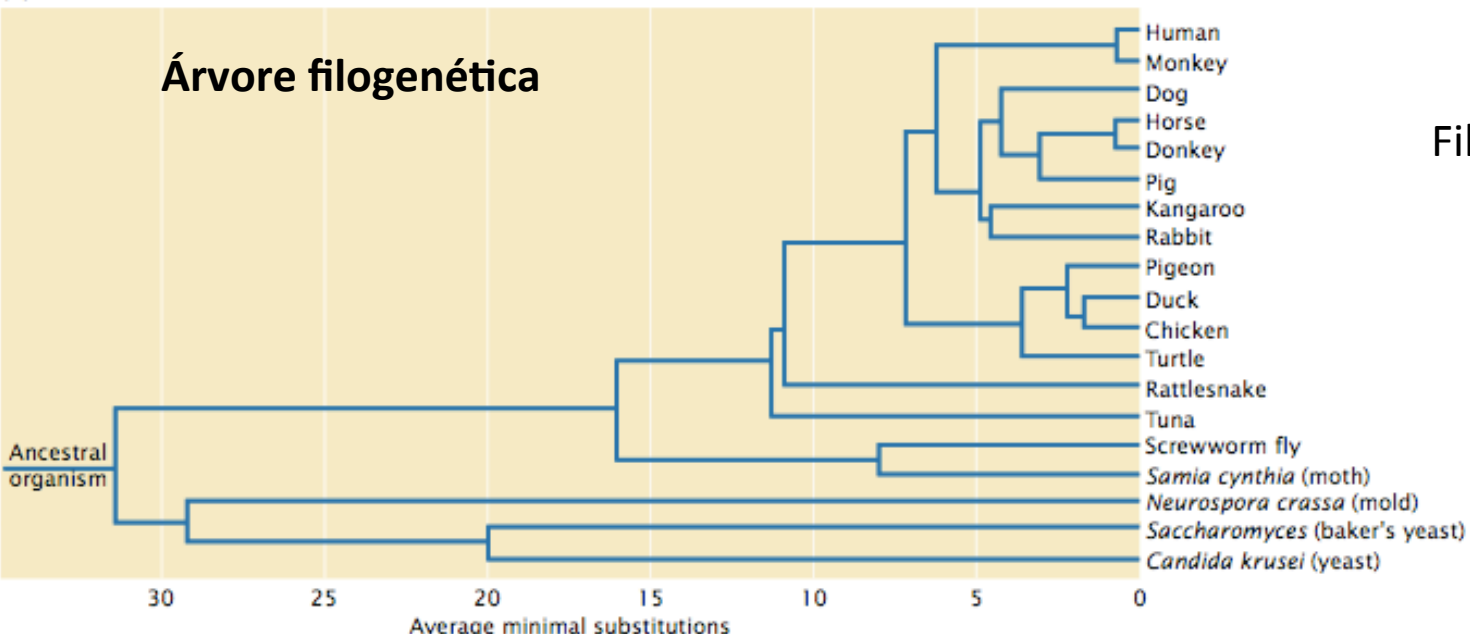
Alinhamento de Proteínas

- Conservação da sequencia em diferentes espécies
- Identificação de relações evolutivas



(b)

Árvore filogenética

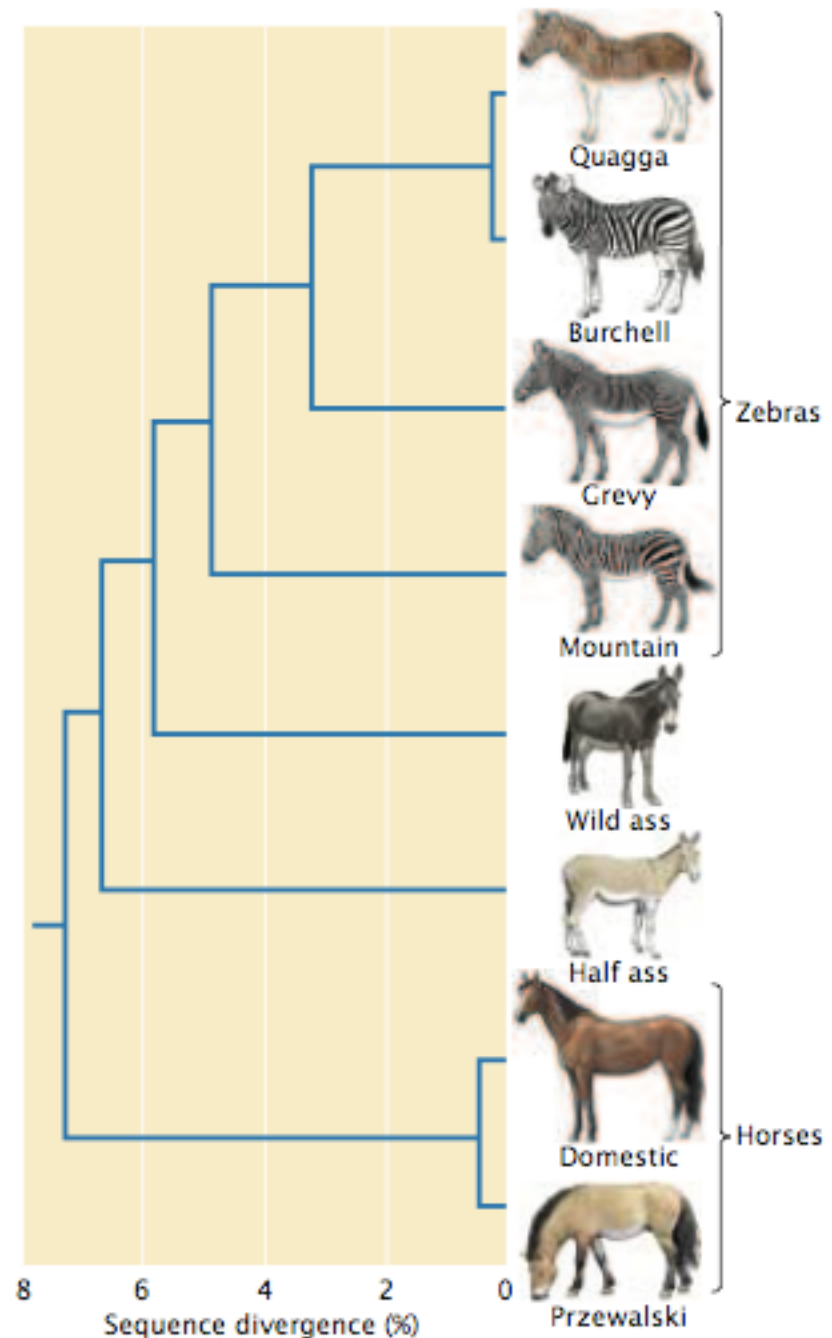


Filogenia de sequencias de aminoácidos do citocromo c

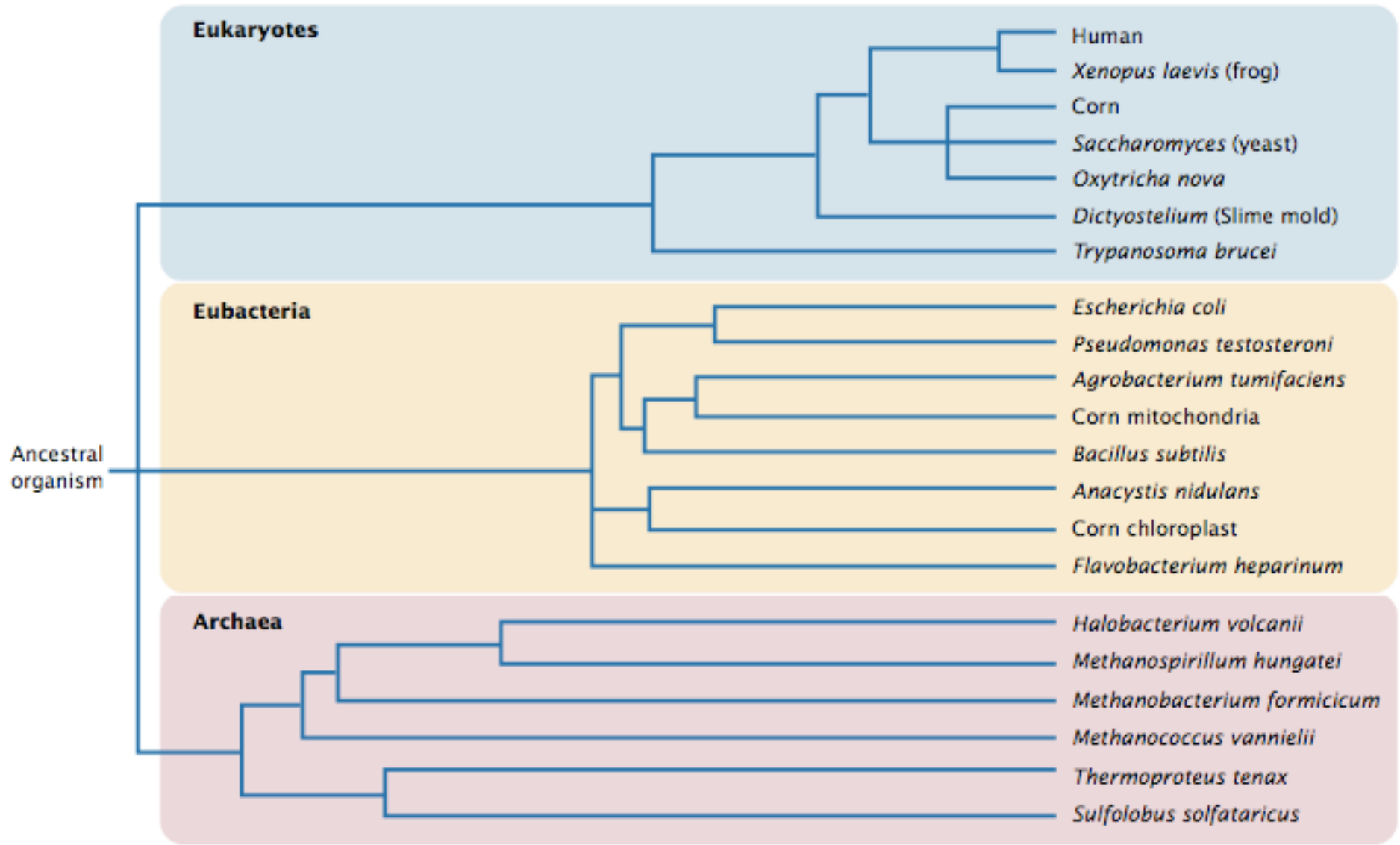
Evolução Molecular

Relações ancestrais entre um grupo de organismos.

Comparação evolutiva de sequencias de DNA mitocondrial.



Evolução Molecular



A árvore da vida pode ser construída através da comparação das sequências de 16S rRNA (RNA ribossomal).