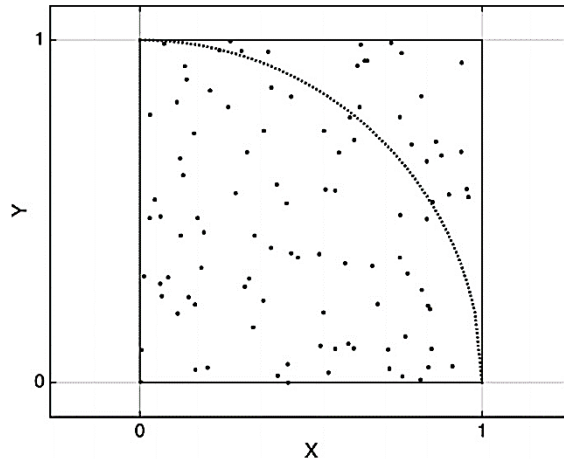


Atividade 04

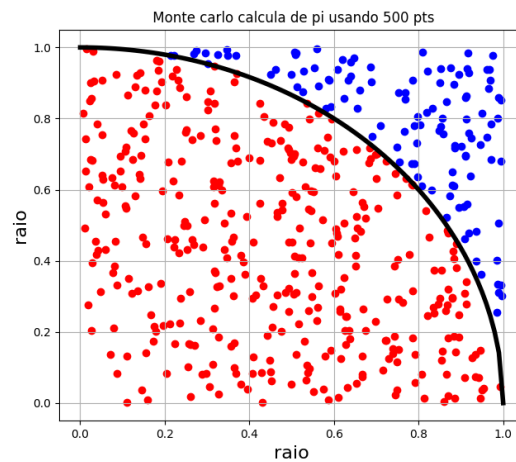
YY_exer_XX.py; onde XX é o número de exercício e YY é nome do aluno separado por _ (underline)

Parte 01: rotina python - matplotlib e numpy

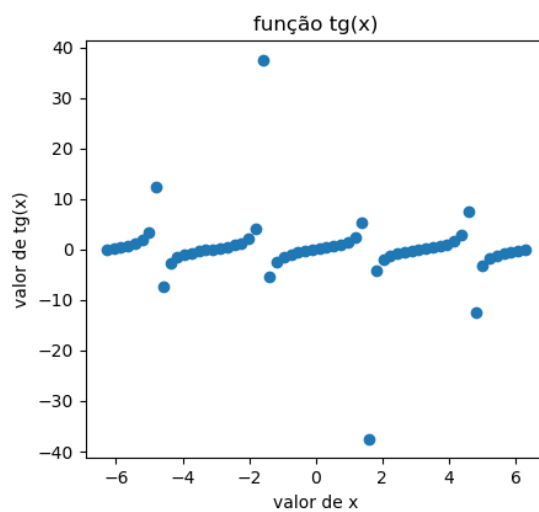
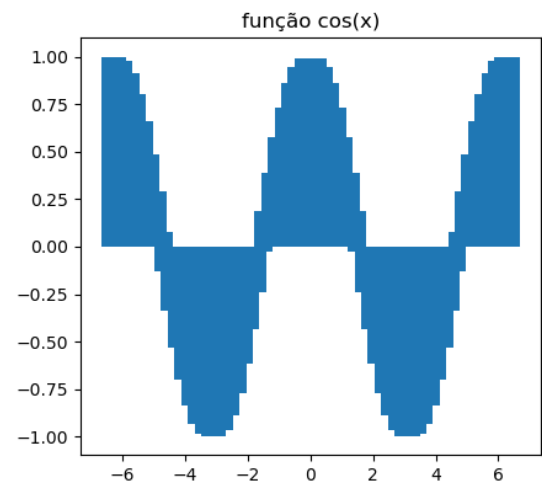
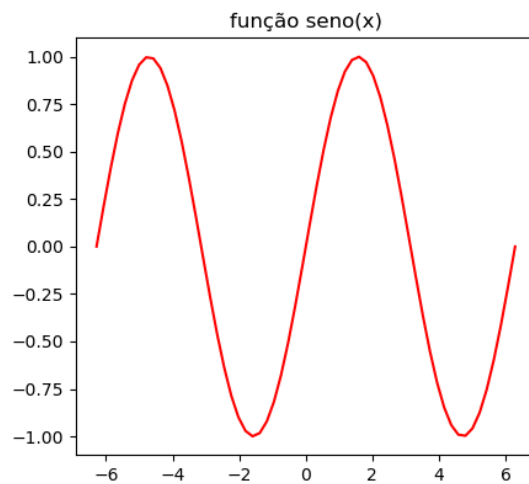
- 1) Simulações de Monte Carlo são uma classe de algoritmos que usam números aleatórios para obter resultados numéricos. Eles encontraram uso prático em um gama de aplicações biomédicas. Este exercício é sobre o uso de uma simulação de Monte Carlo para estimar o valor de π . O método usa pontos aleatórios escolhidos dentro do quadrado de lado 1, ou seja, $0 \leq x \leq 1$ e $0 \leq y \leq 1$. Isto é ilustrado na figura,



- na qual mostra parte do círculo unitário e pontos aleatórios no quadrado unitário. O método seleciona pontos aleatórios dentro do quadrado da unidade, e estes são mostrados por pontos no diagrama. Alguns desses pontos estarão dentro da unidade círculo (que também é plotado) e alguns dos pontos ficarão fora da unidade círculo. Se o ponto estiver dentro do círculo o valor $x^2 + y^2 < 1$. Podemos estimar a área de $\frac{1}{4}$ de círculo encontrando a fração de pontos que estão dentro dela e, portanto, o valor de π . Por exemplo, se escolhermos 20 pontos dentro o quadrado e 17 acabam por estar também dentro do círculo unitário a estimativa para a área do círculo (isto é, π) é de $4 \times 17 / 20 = 3,4$.
- escreva uma rotina que solicite ao usuário o número de pontos a ser utilizado e calcule o valor de π conforme o enunciado. Não pode utilizar comandos for ou while.
 - escreva uma rotina em python que faça o plot do resultado da simulação de acordo com a imagem abaixo.



- 2) Crie um vetor x com 150 pontos linearmente espaçados entre -2π e 2π e construa o gráfico a baixo. Utilize as bibliotecas `numpy` e `matplotlib`



Parte 02: estudo dirigido - alinhamento e sequenciamento genômico.

Entregar esta parte da atividade em arquivo PDF.

Renomear o arquivo da seguinte forma

Nome_sobrenome_part2.pdf

- 1) Descreva o método de sequenciamento de genoma de Sanger?
- 2) Cite das possíveis utilidades do alinhamento de sequências no campo da bioinformática?
- 3) Qual a diferença entre alinhamento global e local? Cite o nome de ferramentas que fazer um ou outro alinhamento.
- 4) É possível realizar alinhamentos utilizando uma sequência de DNA e outra de proteína? Como você acha que isso poderia ser feito?
- 5) Qual a diferença entre alinhamentos simples e múltiplos? Quais são as ferramentas de alinhamento (ótimo ou heurístico) mais indicadas para trabalhar com cada um desses tipos de alinhamento? Por quê?