

# Biología Molecular Computacional CB309 Laboratorio 03a: Ensamblaje de Fragmentos de ADN

Yván Jesús Túpac Valdivia Universidad Católica San Pablo, Arequipa – Perú 26 de setiembre de 2024

## 1 Objetivos

- Implementar un mecanismo de ensamblaje de segmentos de acuerdo a los algoritmos revisados en clase.
- Verificar su funcionamiento y comportamiento computacional ante diversos tamaños y cantidades de cadenas
- Analizar la complejidad de los algoritmos implementados.

### 2 Desarrollo

#### 2.1 Secuencia de Consenso

- Implemente un algoritmo que, para un conjunto de cadenas encuentre:
  - 1. La secuencia de consenso (sin errores).
  - 2. Entre las posibles secuencias de consenso, escoger aquella que se aproxime más a un tamaño determinado l.
  - 3. Que considere tanto secuencias directas como complemento-reversas.
- Verificar su funcionamiento para el siguiente conjunto de secuencias

 $f_1$ : ATCCGTTGAAGCCGCGGGC

 $f_2$ : TTAACTCGAGG

 $f_3$ : TTAAGTACTGCCCG

 $f_4$ : ATCTGTGTCGGG  $f_5$ : CGACTCCCGACACA

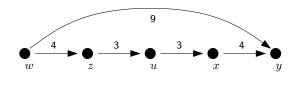
 $f_6$ : CACAGATCCGTTGAAGCCGCGGG

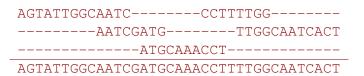
 $f_7$ : CTCGAGTTAAGTA $f_8$ : CGCGGGCAGTACTT

considerando que la longitud l de la molécula destino es próxima a 55 pares, y existen secuencias que pueden ser del otro strand (usar complementos reversos).

### 2.2 Subgrafos Acíclicos

- Implementar el algoritmo de búsqueda del camino hamiltoniano con  $linkage\ t$  (parámetro), y aplíquelo a las cadenas anteriores definiendo un valor t de acuerdo al nivel de linkage que se pudo evidenciar al buscar la secuencia de mejor consenso.
- Visualizar el grafo y las secuencias enlazadas junto al *string* encontrado, de forma similar al ejemplo abajo.





# 3 Entrega

- Deberá entregar dentro del plazo que aparece en el Aula Virtual un informe (PDF) con lo realizado respondiendo las preguntas y mostrando los funcionamientos.
- Las implementaciones deberán estar en repositorio, cuyo URL debe indicarse en el informe.

### References