

Aluna: Flanyelle da Silva Oliveira Pires

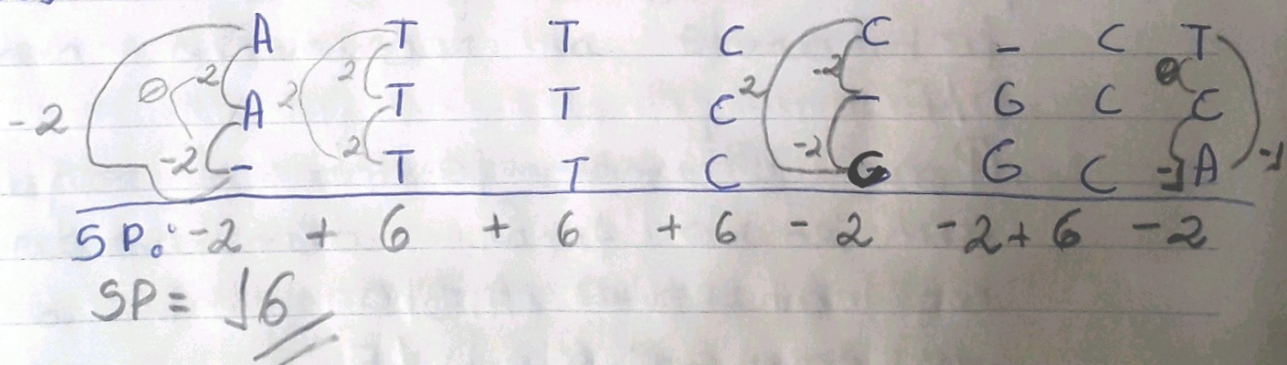
Conhecimentos em Bioinformática 3 - Alinhamento múltiplo

1 - De acordo com a tabela de pontuação para nucleotídeos a seguir:

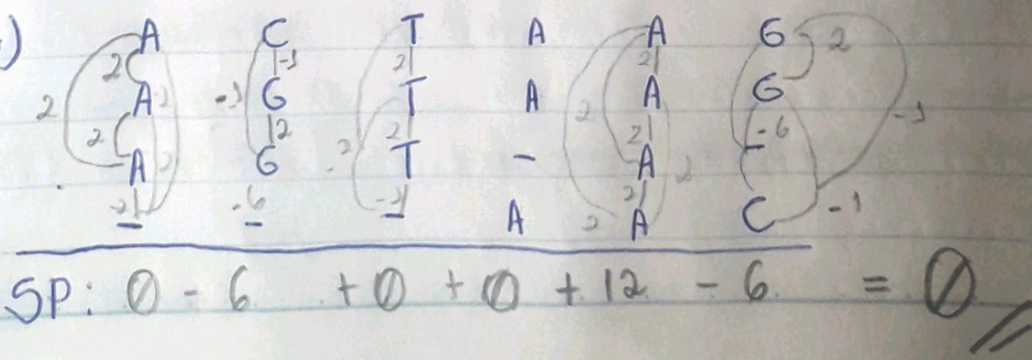
+2 :	Match	A ↔ G	T ↔ C
0 :	Mismatch →	purina/purina	pirim./pirim.
-1 :	Mismatch entre	purina/pirim.	
-2 :	Gap		

Determine a soma de pares (SP) dos seguintes alinhamentos:

a)

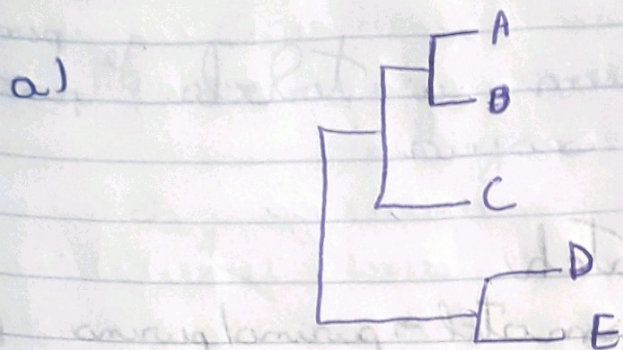


b)



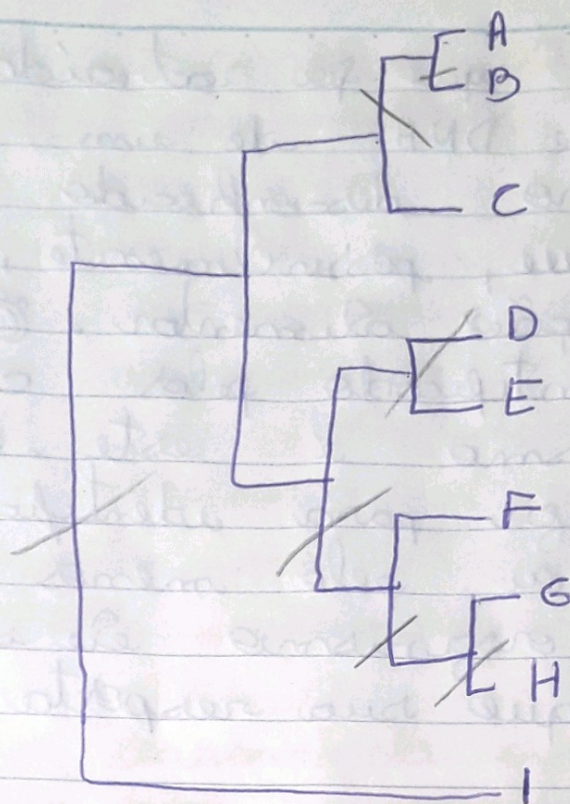
17/03/20

2- De acordo com as árvores que abaixo, determine uma possível ordem em que o alinhamento progressivo irá escolher os pares de duas sequências até que consiga gerar a sequência consenso.



- Alinha A com B, formando uma sequência consenso A/B
- Alinha a sequência consenso formada no passo anterior (A/B) com C, formando a seq. A/B/C
- Alinha a sequência D com E formando a sequência consenso D/E.
- Por último forma a sequência consenso final alinhando a seq. consenso A/B/C com a sequência consenso D/E.

8-)



Antes de formar a sequência consenso final serão feitos os seguintes alinhamentos.

Sequências	Sequência formada
A e B	A/B
A/B e C	A/B/C
D e E	D/E
G e H	G/H
G/H e F	G/H/F
D/E e G/H/F	D/E/G/H/F
A/B/C e D/E/G/H/F	A/B/C/D/E/G/H/F
A/B/C/D/E/G/H/F e I	A/B/C/D/E/G/H/F/I

sequência consenso final

17
05/09/20

3) Imagine que foi extraída uma amostra de DNA de um determinado organismo desconhecido no lago Paranaíba, que, possivelmente, está causando intoxicação alimentar. Entretanto, não foi identificado pelos cientistas que organismo é este. O que você poderia fazer para identificar esse organismo (ou pelo menos dizer com qual organismo ele se parece)? Justifique sua resposta.

1. Eu escolheria alguma ferramenta de bioinformática que pudesse me retornar possíveis alinhamentos com minha amostra de DNA (e também uma que me retornasse uma árvore filogenética).

1.1 se eu não tiver nenhum outro organismo para comparar com o meu (ou seja eu não sei de absolutamente nada!!) eu usaria a ferramenta BLAST que processaria minha sequência no seu banco de dados e me retornaria sequências muito similares ou mesmo a minha própria sequência (match = 100%)

provavelmente
seria esse, um
suação, portanto
conhecera sobre
organismos
17/09/20

1.2 se eu conheço outros orga-
nismos causadores de intoxi-
cação alimentar, eu usaria
a ferramenta CLUSTAL ou
MUSCLE e passaria como entra-
da as sequências que tenho.
Ambas as ferramentas irão
me retornar o melhor ali-
nhamento possível para as
minhas entradas.

2- Após a ferramenta escolhida
me retornar um resultado
eu tentaria identificar meu orga-
nismo da seguinte forma:

2.1 Meu organismo é aquele que teve
match de 100% com uma das sequên-
cias de saída.

2.2 Quando o alinhamento retornado,
meu organismo é aquele que existe uma
sequência na qual pareço "apertado" para
que ele caiba inteiramente com meu
organismo (CASO ALINHAMENTO MÚLTIPLO:
lembrando que as vezes a sequência não
ficará 100% alinhada por causa do ali-
nhamento com outras sequências)

2.3 Meu organismo se parece com

17/09/20

o nó mais próximo dos ramos
filogenéticos retornada pela ferramen-
ta.