

14/09/20

Pranyelle da Silva O. Angelo

1- Que bordo com a tabela de pontuação para nucleotídeos a seguir:

+2: Match

0:

Mismatch entre purinas/  
purinas ou pirimidinas/pirimidinas

-1:

Mismatch entre purinas/pi-  
rimidinas

-2:

Gap

Construa as matrizes de programação dinâmica e determine todos os possíveis alinhamentos globais entre as pares de sequência a seguir:

a) s = ATTCC e t = ATTGCC

		A	T	T	C	C
	0	-2	-4	-6	-8	-10
A	-2	2	0	-2	-4	-6
T	-4	0	4	2	0	-2
T	-6	-2	2	6	4	2
C	-8	-4	0	4	8	6
G	-10	-6	-2	2	6	7
C	-12	-8	-4	0	5	8
C	-14	-10	-6	-2	2	6



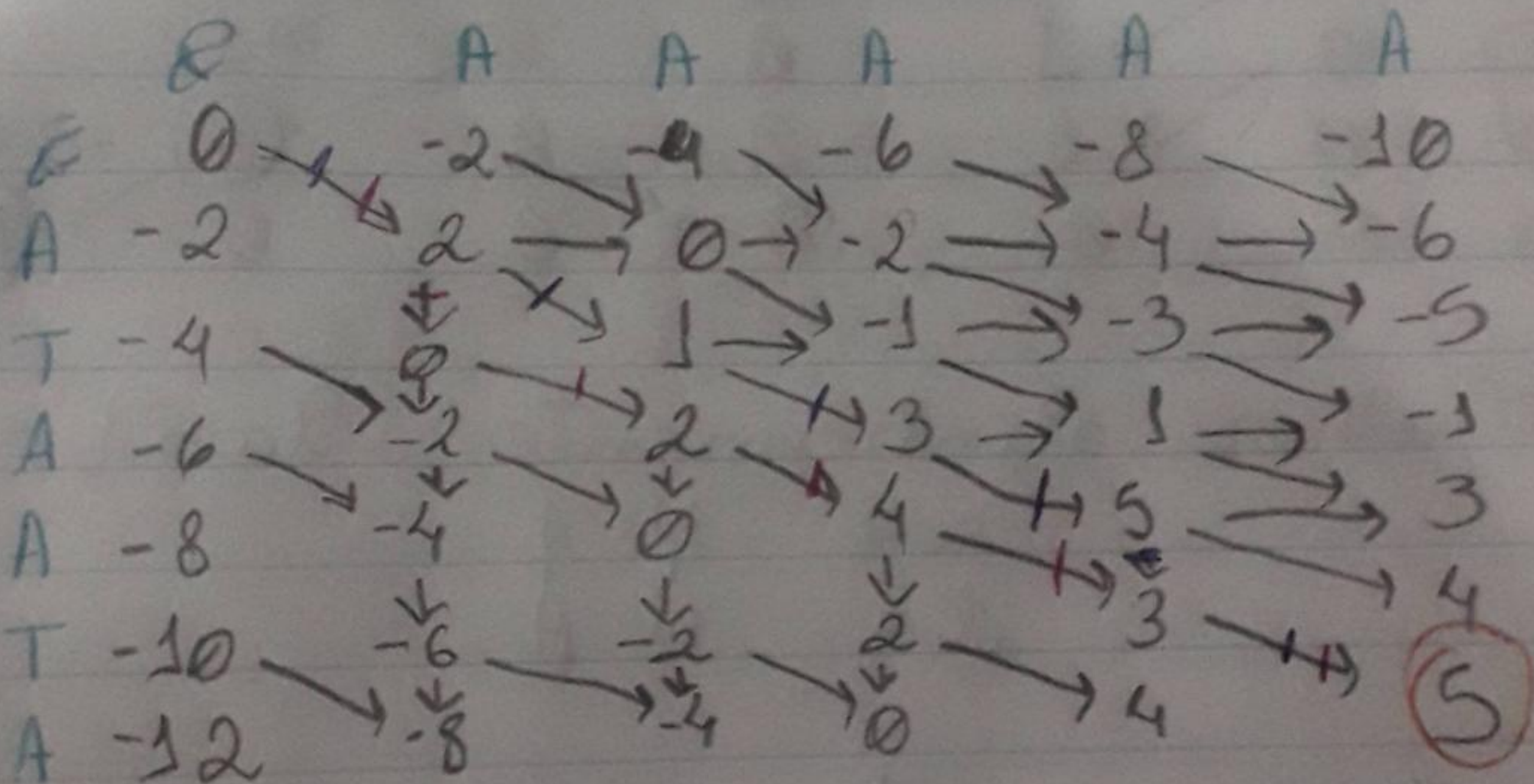
\* Possíveis alinhamentos globais:

1. A T T - - C C  
A T T C G C C

2. A T T C - C -  
A T T C G C C

3. A T T C - - C  
A T T C G C C

Se)  $s = A A A A A$  e  $t = A T A A T A$



\* Possíveis alinhamentos globais

1. A - A A A A  
A T A A T A

2. A A A A - A  
A T A A T A



2) De acordo com a tabela de pontuação para aminoácidos Blosun 64, construa as matrizes de programação dinâmica para o alinhamento local e exiba o melhor alinhamento local entre os seguintes pares.

a)  $s = \text{DNA}$  e  $t = \text{NCRNA}$

		N	C	R	N	A
D	0	0	0	0	0	0
N	0	1	0	0	6	0
A	0	0	0	0	0	10

Melhor alinhamento local:

$s = \text{N A}$   
 $t = \text{N A}$

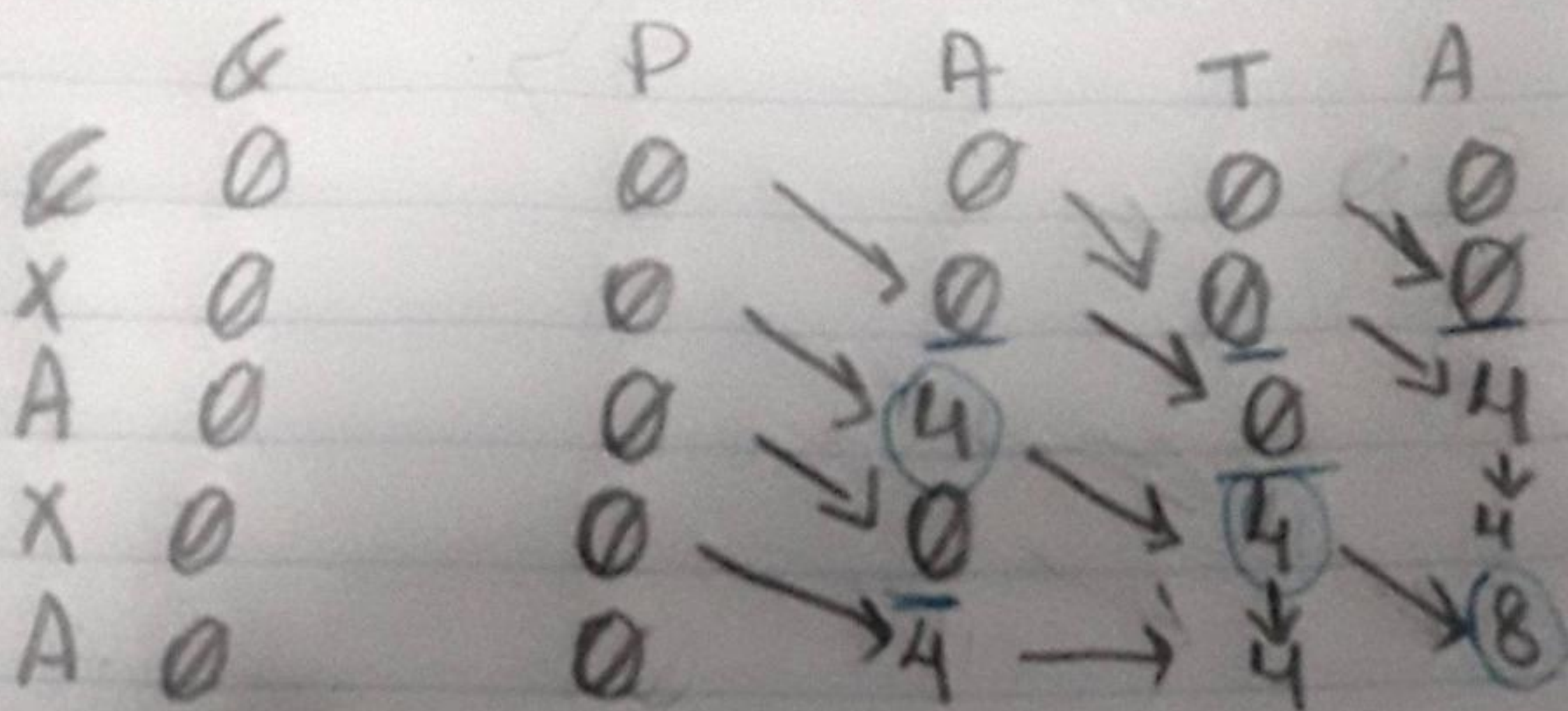
b)  $s = \text{WYBZL}$  e  $t = \text{WMLB}$

		W	Y	B	Z	L
W	0	1	0	0	0	0
M	0	0	0	0	0	2
L	0	0	0	0	0	4
B	0	0	0	4	1	0

Melhor alinhamento local:  $s = \text{W}$   
 $t = \text{W}$



c)  $\mathcal{D} = X A X A$  e  $\mathcal{J} = P A T A$



Melhor alinhamento:

$$\begin{array}{l} \mathcal{J} = \\ \mathcal{D} = \end{array} \begin{array}{ccc} A & T & A \\ | & | & | \\ A & X & A \end{array}$$