Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS Biologia Computacional – 2014

Prof. Dr. Márcio Dorn 12 de Agosto de 2014

DESAFIO COMPUTACIONAL I OPERAÇÕES COM STRINGS

Objetivos: manipulação de strings, implementação de algoritmos básicos, operações com arquivos.

- 1. Acesse o endereço http://www.inf.ufrgs.br/~mdorn/bio/T1/ e baixe o arquivo *.fasta. Este arquivo contém a seqüência W de nucleotídeos do "Homo sapiens chromosome 7". Implemente um conjunto de rotinas computacionais para realizar as tarefas que seguem:
 - (a) Calcule a quantidade de diferentes subsequências de tamanho 5 (cinco) que estão presentes na sequência W.
 - Versão 1: NÃO utilize a estrutura de dados do tipo Dicionário.
 - Versão 2: Solução Livre.
 - (b) Considere a subsequência X = "TTT". Assumindo que X representa uma região de corte (terminação/inicio) de outras subsequências determine:
 - Quantidade de subsequências separadas por X.
 - Existe alguma alteração no número de subseqüências obtidas ao processarmos a seqüencia W da esquerda para a direita e da direita para a esquerda?
 - (c) Considere uma resíduo coringa U. Quantas diferentes subseqüências do tipo sUsUs podem ser encontradas na seqüência W? s representa qualquer uma das bases da seqüência W.
 - (d) Um palíndromo é uma palavra, frase ou qualquer outra sequência de unidades (como uma cadeia de DNA; Enzima de restrição) que tenha a propriedade de poder ser lida tanto da direita para a esquerda como da esquerda para a direita. Determine quantos diferentes palíndromos de tamanho 7 podem ser encontrados na sequência W.

REGRAS:

Data de entrega e apresentação: 14.08.2013 via moodle.

Formato de entrega: para cada um dos itens acima (a,b,c,d) entregar arquivo com código fonte. Apresentação: máximo 5 lâminas apresentando o pseudocódigo de cada algoritmo desenvolvido. Modalidade: individual.

ALGUMAS SUGESTÕES:

Use linguagem Python.

Revise o material de manipulação de strings disponível no Moodle.