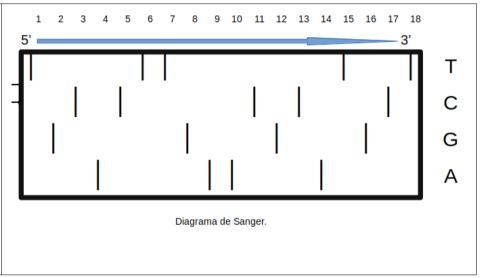
## CURSO: CC471 - 2019 -1

## Practica Calificada N°1.

- 1. (4 puntos)
- Presentacion de la asignacion de la Lec02: si [], no [].
- 2.(2 puntos)

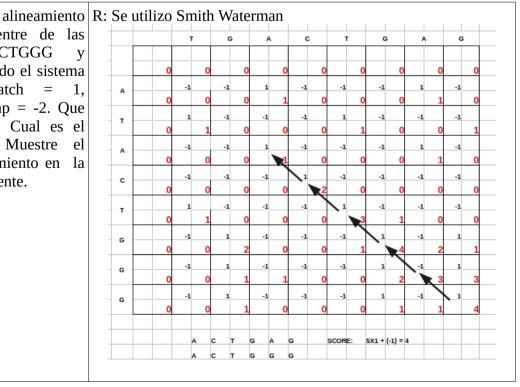
Cual es la secuencia de ADN que dio origen al siguiente diagrama de SANGER?



R: La secuencia solicitada es TGCACTTGAACGCATGCT

## 3. (4 puntos)

Encuentre el alineamiento optimo Local entre de las secuencias ATACTGGG y TGACTGAG usando el sistema de scoring: Match = 1, mismatch = -1, gap = -2. Que algoritmo utilizó?. Cual es el máximo score?. Muestre el camino del alineamiento en la matriz correspondiente.



4.(4puntos) Tenemos una secuencia de proteina en formato fasta:

>>sp|A1AU17|NDK\_PELPD Nucleoside diphosphate kinase OS=Pelobacter propionicus (strain DSM 2379 / NBRC 103807 / OttBd1) OX=338966 GN=ndk PE=3 SV=1

MERTFAIIKPDAVERRLAGTVIDRIEANGFTIVGMKKIKLSKEQAGGFYCVHRERPFFGE LCDFMSRSPVIVLCLEKENAIADWRKLMGATNPANAEPGTIRRDFALSLSENSAHGSDAP ETAAFEIAYFFNALELV

a)Cual seria la secuencia de nucleotidos necesaria para codificar los 4 primeros aminoacidos:

methionine - Met - M; Glutamic Acid - glu - E; Arginine - Arg - R; Threonine - Thr - T

b) Muestre la secuencia de la cadena de ADN de dos hebras que dio origen a la secuencia del punto (a) indique el direccionamiento correspondiente

c) Cuantas variantes de la secuencia solicitada en e punto (a) pueden existir?

R:Hay varias posibilidades: Una de ellas sería

a) AUG GAA CGA ACG

ia		U	С	A	G	
ıa	U	phenyl- alanine	serine	tyrosine	cysteine	U C
		leucine		stop	stop	Α
$\neg$				stop	tryptophan	G
	·			histidine		U
os a)	С	leucine	proline	lusuome	arginine	C
				glutamine		Α
						G
	A	isoleucine	threonine	asparagine	serine	U
el						C
				lysine	arginine	Α
		* methionine				G
	G	valine	alanine	aspartic acid	glycine	U
						C
				glutamic acid		Α
						Ü

Utilizando la tabla de codificación proporcionada, \*\* and start sabiendo que 3 nucleotidos (codones) codifican un aminoacido.

- b) La secuencia de ADN correspondiente a la del punto (a) es
- 5' ATG GAA CGA ACG 3'
- 3' TAC CTT GCT TGC -5'
- c) para codificar MERT pueden existir 1x2x6x4 = 48 variantes por cuanto existen:
- 1 variante para **M**, 2 variantes para **E**, 6 variantes para **R**, 4 variantes para **L**.
- 5. 1. (6 puntos) Defina Formalmente el algoritmo Needleman Wunsch incluya el pseudo codigo.

R:

Entrada:

Dos secuencias P1 y P2

Matriz de scoring correspondiente a los valores de match, mismatch, y gap.

Se inicializan las secuencias de la matriz de similitud

s(0,j)= j\*g para j = 0 hasta m; g es el valor de gap; m Numero de elementos de la secuencia P1

s(i,0) = i\*g para I = 0 hasta n; g es el valor de gap; n Numero de elementos de la secuencia P2

1. Inicializar la matriz

Para todo i = 1 hasta m

Para todo j = 1 hasta n  
if 
$$p1(j) = p2(i)$$
 entonces  $s(i,j)$ =match  
if  $p1(j) <> p2(i)$  entonces  $s(i,j)$ =mismatch

2. Calcular los valores de F(i,j)

Para todo i = 1 hasta m

Para todo 
$$j = 1$$
 hasta n

$$F(i,j) = max(F(i-1,j)-g; F(i,j-1)-g; F(i-1,j-1)+s(i,j)$$

3. Efectuar el alineamiento desde s(m,n) hasta s(0,0), buscando la ruta inversa con el mayor escore.

Cada paso en la ruta corresponde a un par de elementos de las secuencias alineadas. Cuando la ruta no pasa por la diagonal, entonces se agregan espacios en blanco a las secuencias alineadas correspondientes.