

Algoritmos para análise de sequências biológicas
Ficha exercícios 8

1.

Complete a implementação do método ***alignConsensus*** da classe *MultipleAlign* de acordo com o definido na aula T.

2.

a) Escreva um método ***scoreColumn(self, charsCol)*** a adicionar à classe *MultipleAlign* que permita calcular o score de uma coluna de um alinhamento (charsCol será uma lista com os caracteres da coluna do alinhamento, podendo ser obtidos por exemplo usando a função ***column*** da classe *MyAlign*). O score será calculado usando a abordagem soma de pares (SP), ou seja, o score será a soma dos scores de cada par de caracteres no alinhamento. Note que um espaçamento em ambos os caracteres terá score nulo.

b) Usando o método escrito em 2 a), escreva um método ***scoreSP(self, alinhamento)*** que retorne o score SP de um alinhamento completo (este será um objeto da classe *MyAlign*).