

Análise de alinhamentos múltiplos com BioPython

Exercício 1. Converta o alinhamento múltiplo no ficheiro PF05371_seed.sth do formato de *Stockholm* para o formato *fasta* e formato *clustal*.

Exercício 2. Obtenha o alinhamento de sequencias de hemoglobina (HBA_Human e HBB_Human) a partir dos ficheiros alpha.faa e beta.faa

- 1) Faça a leitura das sequencias a partir de cada um dos ficheiros
- 2) Alinhamento global (usando a função `globalxx`). Calcule o número de alinhamentos obtidos e o melhor e pior score.
- 3) Imprima o alinhamento formatado do primeiro alinhamento.
- 4) Importe a matrix `Blosum62` e obtenha o alinhamento com os parâmetros de `gap=-10` e `gap extension = -0.5` (utilize a função `globalds` com estes três parâmetros adicionais).
- 5) Alinhamento local (usando a função `localds`, `gap=-10` e `gap extension = -1`).
- 6) Imprima o alinhamento formatado do primeiro alinhamento local.