

Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Instituto de Informática
INF05018 Biologia Computacional - Prof: Márcio Dorn

Rodrigo Okido (252745)

Relatório E1-I1

Porto Alegre
2018

Sumário

1. Introdução
2. Exercícios lista 1
 - a. Resolução sobre exercicio 1a
 - b. Resolução sobre exercicio 1b
 - c. Resolução sobre exercicio 1c
 - d. Resolução sobre exercicio 1d
 - e. Resolução sobre exercicio 1e

1. Introdução

Este relatório tem como objetivo demonstrar a resolução dos exercícios da lista I (E1-I1). Será colocado o pseudocódigo de cada exercício assim como o resultado esperado para cada um.

2. Exercícios lista 1

Considerando que **todos** os exercícios desta primeira lista envolvem a leitura do arquivo “sequence.fasta”, será explicado inicialmente como foi realizado isto, considerando que a mesma se repetirá para todos. A leitura é realizada ignorando a primeira linha e os “\n” da seguinte forma:

Open (“sequence.fasta”) no arquivo:

 Pula primeira linha

 Para cada linha em arquivo

 Linha = le e remove \n

 Conteudo = conteudo + linha

a. No primeiro exercício foi implementado da seguinte forma:

 Para i em sentença

 Tentativa = lista (sentença)

 Se tentativa [i] == T | C | A | G

 Mudar para sua complementar

 Junta a palavra e tenta encontrar essa sentença no arquivo.

 Se Encontrou:

 Imprime Resposta

 Caso contrário:

 Tentativa = Sentença

Resposta Encontrada:

 Subsequence starts at index: 44139800

 Mutation happened at index: 44139809

 Changed: A -> T

b. O segundo exercício foi implementado da seguinte forma:

Function complement_checkpalindrome (subsequence) :

 Original = subsequence

 Modified = list (subsequence)

```

para i em len(modified)
    Se modified [i] == A| T | C | G
        Muda para sua complementar

```

```

Se original == reversa(modified)
    Retorna True
Se não:
    Retorna False

```

Function main () :

```

    Le arquivo
    j = 0
    Para i em arquivo
        Subseq = arquivo [ j:j+8 ]
        Se não contem "N" na subseq e tamanho == 8
            Se complement_checkpalindrome (subseq) == True:
                Adiciona num dicionario caso não existir
            Caso exista:
                Adiciona mais um ao valor (Pegando a chave)
        j = j + 1

```

Resultado Encontrado:

```

{'GCTCGAGC': 143, 'GCTATAGC': 366, 'CTTATAAG': 1182,
'TGATATCA': 1071, 'TCTGCAGA': 1943, 'CCGTACGG': 13, 'GTTGCAAC': 377,
'GCATATGC': 693, 'AGAATTCT': 2246, 'ACACGTGT': 552, 'TATATATA': 16514,
'CTTCGAAG': 150, 'TCACGTGA': 361, 'TGCATGCA': 1550, 'GGAATTCC': 826,
'CCCATGGG': 920, 'CGCCGGCG': 92, 'ACCTAGGT': 614, 'TCGGCCGA': 37,
'TTTATAAA': 5759, 'GTCATGAC': 457, 'ATGTACAT': 1684, 'ATTGCAAT': 1176,
'CTCATGAG': 1231, 'AGGATCCT': 763, 'GAGTACTC': 323, 'CAGGCCTG': 2231,
'GTAATTAC': 765, 'AGCATGCT': 984, .....}

```

c. O terceiro exercício foi implementado da seguinte forma:

```

Function acha_todos (all_string, substring) :
    Start = 0
    Enquanto True:
        Encontra Substring na string
        Adiciona index

```

Function main ():

Lista_subsequencias = { }

Para cada i em conteudo_arquivo:

Subseq = conteudo_arquivo [j : j + 37]

Se não contem "N" e tamanho == 37

Acha_todos (conteudo_arquivo, subseq)

Se não existe no dicionario

Adiciona novo valor no dicionario com sua
quantidade

Resultado Encontrado:

```
{'ACCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAA': 3,  
'CCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAAC': 3,  
'CCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCC': 2,  
'AACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTA': 3,  
'CTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCC': 3,  
'TAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCT': 3,  
'CCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCA': 1,  
'CTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCCCTAACCAA':  
1,  
}  
..... (Muito grande)
```

d. A letra (d) foi implementada da seguinte forma:

qtdA, qtdT, qtdC, qtdG, qtdN = 0

Para i em (conteudo_arquivo)

Se for C | T | A | G | N

Adiciona sua respectiva quantidade.

Resultado Encontrado:

Quantidades:

C - 11918693

G - 11909449

T - 17132531

A - 17146584

Caracter Diferente - SIM:

N - 2396

e. O ultimo exercício foi implementado da seguinte forma:

Function find_all - Identico ao usado no exercicio C.

Function generate_sequence (registry):

```
Sequence = list(registro)
Para i em range (sequence)
    Se for [0 : 9]
        Atribui uma letra
    Se não
        Erro
Retorna sequence
```

Function complement (sequence)

```
Modified = list(sequencia)
Para cada i em len(modificada)
    Se modified [i] == A | T | C | G
        Modified [ i ] = sua complementar

Join (modified)
Return modified
```

Function mutate_reg_complement(sequence)

```
Mutated_list = [ ]
getSequence = list(sequence)

Se getSequence [4] = A | T | C | G
    Cria 3 modificações em cima da quinta posição.
    Adiciona na mutated_list

Retorna mutated_list
```

Function main () :

```
Registry = "N CARTAO"
Var1 = generate_sequence(registry) #Generate sequence of the registry
Var2 = complement(var1) #Generate the complement of the sequence
Var3 = mutate_reg_complement(var2) #Generate 3 mutation on 5th
position (list)
```

counter_mutated = {}

Para i em len(var3)

```
Mutated = var3[i] #Take each mutated sequence of the list
Var4 = list(find_all (conteudo_arquivo, mutated))
Consulta dicionario
Se == NONE
    Adiciona nova chave com todas suas possibilidades
```

```
return counter_mutated. #Return dictionary
```

Resultado Encontrado:

```
AAGGGACG
TTCCCTGC
['TTCCATGC', 'TTCCGTGC', 'TTCCTTGC']
{'TTCCTTGC': 1363, 'TTCCGTGC': 118, 'TTCCATGC': 1198}
```