## UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL - UFRGS INSTITUTO DE INFORMÁTICA - DEPTO INFORMÁTICA TEÓRICA BIOLOGIA COMPUTACIONAL- 2018/02

## LISTA DE EXERCÍCIOS II

## Instruções:

- A resolução do exercício deve ser feita **individualmente**. Cópias evidentes entre trabalhos não serão aceitas.
- A entrega deve ser online via Moodle (exclusivamente), somente até a data especificada.
- Para cada uma das tarefas deve-se entregar o com codigo fonte. O nome do aquivo deve identificar a tarefa, exemplo "e2-1a.py" referente ao item "1a" da tarefa. Arquivos corrompidos serão desconsiderados.
- Além do código fonte deve-se entregar um um único arquivo PDF com o nome "e1-i1.pdf" apresentando o pseudocódigo do algoritmo desenvolvido e os resultados encontrados.
- Não serão aceitos trabalhos atrasados.
- Data de entrega: 23.08.2018 (quinta-feira) até as 13:00 via Moodle (https://moodle.ufrgs.br/login/index.php).

| NOME  | CADELLO    |
|-------|------------|
| NOME: | . CARI AU: |

A hemoglobina dos vertebrados, o transportador de oxigénio nas hemácias, é constituída por quatro cadeias polipeptídicas, duas de um tipo, e duas de outro. As quatro são mantidas juntas por ligações não covalentes. Cada uma contém um grupo heme e um só centro de ligação ao oxigénio. A hemoglobina A, a principal dos adultos, é constituída por duas cadeias alfa ( $\alpha$ ) e duas beta ( $\beta$ ). A seguir está listada a sequencia de aminoácidos da hemoglobina  $\alpha$  (apenas uma cadeia) em diferente espécies. Nota-se que ocorrem variações de uma sequencia quando comparada a outra, entretanto a hemoglobina exerce a mesma função independente da espécie: é responsável pelo transporte de oxigênio e gás carbônico.

Human (Homo sapiens) [TaxId: 9606]

2DN3:A|PDBID|CHAIN|SEQUENCE

 ${\tt VLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY}$ 

Horse (Equus caballus) [TaxId: 9796]

2D5X:A|PDBID|CHAIN|SEQUENCE

 ${\tt VLSAADKTNVKAAWSKVGGHAGEYGAEALERMFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKYR}$ 

Deer (Odocoileus virginianus) [TaxId: 9874]

1HDS: A | PDBID | CHAIN | SEQUENCE

VLSAANKSNVKAAWGKVGGNAPAYGAQALQRMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQQKAHGQKVANALTKAQGHLNDLPGTL SNLSNLHAHKLRVNPVNFKLLSHSLLVTLASHLPTNFTPAVHANLNKFLANDSTVLTSKYR

Cow (Bos taurus) [TaxId: 9913] 2QSS:A|PDBID|CHAIN|SEQUENCE

VLSAADKGNVKAAWGKVGGHAAEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGAKVAAALTKAVEHLDDLPGAL SELSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHSLLVTLASHLPSDFTPAVHASLDKFLANVSTVLTSKYR

Pig (Sus scrofa) [TaxId: 9823] 1QPW:A|PDBID|CHAIN|SEQUENCE

 ${\tt VLSAADKANVKAAWGKVGGQAGAHGAEALERMFLGFPTTKTYFPHFNLSHGSDQVKAHGQKVADALTKAVGHLDDLPGALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHHPDDFNPSVHASLDKFLANVSTVLTSKYR}$ 

Maned wolf (Chrysocyon brachyurus) [TaxId: 68728]

1FHJ: A | PDBID | CHAIN | SEQUENCE

VLSPADKTNIKSTWDKIGGHAGDYGGEALDRTFQSFPTTKTYFPHFDLSPGSAQVKAHGKKVADALTTAVAHLDDLPGAL SALSDLHAYKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLACHHPTEFTPAVHASLDKFFTAVSTVLTSKYR

Chicken (Gallus gallus) [TaxId: 9031]

1HBR: A | PDBID | CHAIN | SEQUENCE

MLTAEDKKLIQQAWEKAASHQEEFGAEALTRMFTTYPQTKTYFPHFDLSPGSDQVRGHGKKVLGALGNAVKNVDNLSQAM AELSNLHAYNLRVDPVNFKLLSQCIQVVLAVHMGKDYTPEVHAAFDKFLSAVSAVLAEKYR

Trout (Oncorhynchus mykiss) [TaxId: 8022]

10UT: A | PDBID | CHAIN | SEQUENCE

XSLTAKDKSVVKAFWGKISGKADVVGAEALGRMLTAYPQTKTYFSHWADLSPGSGPVKKHGGIIMGAIGKAVGLMDDLVG GMSALSDLHAFKLRVDPGNFKILSHNILVTLAIHFPSDFTPEVHIAVDKFLAAVSAALADKYR

Implemente um conjunto de rotinas computacionais para realizar as tarefas que seguem:

- 1. Desenvolva um algoritmo que leia duas seqüências  $n \in m$ .
- 2. Implemente o algoritmo de Needleman-Wunsch para alinhar estas seqüências.
- 3. O programa deve imprimir na tela a tabela final de alinhamento, as duas cadeias alinhadas e identidade do alinhamento.
- 4. O programa deve imprimir na tela o score do alinhamento.
- 5. Regras:
  - Valor para GAP: -4
  - Valor para Match: +5
  - Valor para Mismatch: -3

• 
$$S_{i,j} = \text{MAX} \begin{bmatrix} S_{i-1,j-1} + s(a_i, b_j)(match/mismatch) \\ S_{i,j-1} + gap(seq1) \\ S_{i-1,j} + gap(seq2) \end{bmatrix}$$

6. Com base na identidade e no score do alinhamento informe qual das espécies acima apresenta a maior semelhança, em termos de sequência, com a espécie humana (homo sapiens)?

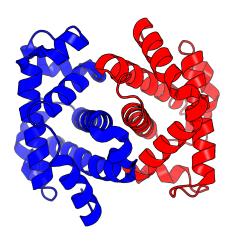


Figure 1: Human (Homo sapiens) Hemoglobin. PDB ID: 2DN3.