

# Algoritmos para Análise de Sequências Biológicas

## Ficha 5

# Objetivo

- Scores de alinhamentos globais e locais
- Reconstrução de alinhamentos

# Exercícios

## ScoreMatriz

- 1 O construtor deve receber
  - ▶ `match_pairs` seguido dos scores para dois caracteres iguais e diferentes e do alfabeto
  - ▶ `blosum62`
  - ▶ `file` seguido do nome de um ficheiro
- 2 Implemente o método `getScore` que recebe dois caracteres e devolve o score correspondente

## AlignSeq

- 1 O construtor deve receber duas sequências e a matriz de scoring, por omissão BLOSUM62
- 2 Implemente o método `getScore` que devolve o score
- 3 Implemente o método `getAlign` que devolve o melhor alinhamento na forma de um tuplo com as duas sequências alinhadas
- 4 Implemente corretamente o método `__str__` que é invocado ao imprimir o alinhamento