

Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Instituto de Informática
Prof. Dr. Márcio Dorn
Lista 3 de Biología Computacional

Aluno: Vicente Merlo
Matrícula: 244950

O algoritmo foi implementado em Ruby, com etapas quase iguais ao algoritmo da lista 2, tentando maximizar o uso de programação funcional.

A função *traceback* foi modificada para que a tabela ótima não lidasse mais com o apontamento dinâmico de subsequência ótima, mas com o apontamento após seu próprio preenchimento. Para tornar mais fácil esse processo, foi usada a matriz *pointers*, que indica qual a direção em que a melhor sequência alinhada se encontra.

Assim, a matriz *pointers* é preenchida dinamicamente enquanto a matriz que representa a tabela de *pontuações* é preenchida, checando em todas as iterações qual o score máximo obtido por uma subsequência.

Após o completo preenchimento, o *traceback* é chamado localmente (na posição da tabela onde o score havia sido o máximo), que retorna as duas sequências alinhadas com base na matriz *pointers*.

Então, a função *distance* (a mesma da lista 2) é chamada para calcular as distâncias entre as duas subsequências alinhadas.

Alinhadas:

LSEEDRKA

LSEAERKA

Score: 4

Identidade: 0.75

Assim, podemos concluir que o alinhamento local ótimo entre as duas sequências usando os *scores* de match/gap/mismatch do exercício são:

LSEEDRKA

||| |||

LSEAERKA

As duas sequências são 75% parecidas e o score delas pelo algoritmo é de 4.