

Estructuras de Datos y Algoritmia para Secuencias Biológicas

Práctica 1

—

Alineamiento de secuencias con *Biopython*

Curso 2019-2020
Antía Fraga Lourido
antia.fraga.lourido

- **BA5E - Find a Highest-Scoring Alignment of Two Strings**

Este ejercicio consta de los siguientes ficheros:

1. Fichero con código fuente (ba5e.py)
2. Dos ficheros con secuencias de alineamiento (ba5e_align_file, ba5e_align_file2)
3. Dos ficheros con secuencias a alinear (ba5e_seq_file, ba5e_align_file2)

El programa recibe los ficheros que se han especificado a través de la línea de comandos.

El fichero con la secuencia a alinear se especifica tras el argumento '--seq_file'.

El fichero con la secuencia de alineamiento se especifica tras el argumento '--align_file'

La ejecución de ba5e.py se puede realizar desde una consola a través del siguiente comando:

```
> python ba5e.py --seq_file ba5e_seq_file --align_file ba5e_align_file
```

- **BA5F - Find a Highest-Scoring Local Alignment of Two Strings**

Este ejercicio consta de los siguientes ficheros:

4. Fichero con código fuente (ba5f.py)
5. Dos ficheros con secuencias de alineamiento (ba5f_align_file, ba5f_align_file2)
6. Dos ficheros con secuencias a alinear (ba5f_seq_file, ba5f_align_file2)

El programa recibe los ficheros que se han especificado a través de la línea de comandos.

El fichero con la secuencia a alinear se especifica tras el argumento '--seq_file'.

El fichero con la secuencia de alineamiento se especifica tras el argumento '--align_file'

La ejecución de ba5f.py se puede realizar desde una consola a través del siguiente comando:

```
> python ba5f.py --seq_file ba5f_seq_file --align_file ba5f_align_file
```

- **BA5G - Compute the Edit Distance Between Two Strings**

Este ejercicio consta de los siguientes ficheros:

7. Fichero con código fuente (ba5g.py)
8. Dos ficheros con secuencias de alineamiento (ba5g_align_file, ba5g_align_file2)
9. Dos ficheros con secuencias a alinear (ba5g_seq_file, ba5g_align_file2)

El programa recibe los ficheros que se han especificado a través de la línea de comandos.

El fichero con la secuencia a alinear se especifica tras el argumento '--seq_file'.

El fichero con la secuencia de alineamiento se especifica tras el argumento '--align_file'

La ejecución de ba5g.py se puede realizar desde una consola a través del siguiente comando:

```
> python ba5g.py --seq_file ba5g_seq_file --align_file ba5g_align_file
```

- **BA5J - Align Two Strings Using Affine Gap Penalties**

Este ejercicio consta de los siguientes ficheros:

10. Fichero con código fuente (ba5j.py)
11. Dos ficheros con secuencias de alineamiento (ba5j_align_file, ba5j_align_file2)
12. Dos ficheros con secuencias a alinear (ba5j_seq_file, ba5j_align_file2)

El programa recibe los ficheros que se han especificado a través de la línea de comandos.

El fichero con la secuencia a alinear se especifica tras el argumento '--seq_file'.

El fichero con la secuencia de alineamiento se especifica tras el argumento '--align_file'

La ejecución de `ba5e.py` se puede realizar desde una consola a través del siguiente comando:

```
> python ba5j.py --seq_file ba5j_seq_file --align_file ba5j_align_file
```