#### Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa Escuela Profesional de Ciencia de la Computación Curso: Bioinformática



## Práctica 05

MSc. Vicente Machaca Arceda

13 de mayo de 2021

| DOCENTE                     | CARRERA                              | CURSO          |
|-----------------------------|--------------------------------------|----------------|
| MSc. Vicente Machaca Arceda | Escuela Profesional de Ciencia de la | Bioinformática |
|                             | Computación                          |                |

| PRÁCTICA | TEMA                           | DURACIÓN |
|----------|--------------------------------|----------|
| 05       | Alineamiento de Secuencias con | 3 horas  |
|          | Programación Dinámica          |          |

#### 1. Competencias del curso

- Aplica las bases matemáticas y la teoría de la informática en algoritmos de Bioinformática.
- Analiza, diseña y propone soluciones frente a problemas bioinformáticos.
- Sabe cómo utilizar y conoce las bases computacionales de herramientas modernas de secuenciamiento, alineamiento, árboles filogenéticos y mapeo de genomas.

# 2. Competencias de la práctica

 Aplica las bases matemáticas y la teoría de la informática en algoritmos de Alineamiento de Secuencias con Programación Dinámica.

# 3. Equipos y materiales

- Latex
- Conección a internet
- Python
- Matplotlib
- Numpy
- BioPython
- Cuenta en Github

## 4. Entregables

- Se debe elaborar un informe en Latex donde se responda a cada ejercicio de la Sección 5.
- En el informe se debe agregar un enlace al repositorio Github donde esta el código.
- En el informe se debe agregar el código fuente asi como capturas de pantalla de la ejecución y resultados del mismo.

### 5. Ejercicios

- 1. Encuentre el mejor alineamiento global entre las secuencias **AAAC** y **AGC**, con el siguiente scoring scheme: +1 for match, -1 for mismatch and -2 for an alignment with a gap. Luego, encuentre el mejor alineamiento utilizando la matriz de similitud del Cuadro 1 y costo por cada gap de -2.
- 2. Encuentre el mejor alineamiento global entre las secuencias **ATAG** y **TTCG**, con el siguiente scoring scheme: +1 for match, -1 for mismatch and -1 for an alignment with a gap. Luego, encuentre el mejor alineamiento utilizando la matriz de similitud del Cuadro 1 y costo por cada gap de -2.
- 3. Encuentre el mejor alineamiento local entre las secuencias ATACTGGG y TGACTGAG,, con el siguiente scoring scheme: +1 for match, -1 for mismatch and -2 for an alignment with a gap. Luego, encuentre el mejor alineamiento utilizando la matriz de similitud del Cuadro 1 y costo por cada gap de -2.

Cuadro 1: Matriz de similitud.

A C G T

A 2 -7 -5 -7

 $C \quad \textbf{-7} \quad 2 \quad \textbf{-7} \quad \textbf{-5}$ 

G -5 -7 2 -7