

Práctica 06

MSc. Vicente Machaca Arceda

19 de junio de 2020

DOCENTE	CARRERA	CURSO
MSc. Vicente Machaca Arceda	Escuela Profesional de Ciencia de la Computación	Computación Molecular Biológica

PRÁCTICA	TEMA	DURACIÓN
06	Alineamiento local	3 horas

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 local.

3. Equipos y materiales

- Latex
- Conexión 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 está el código.
- En el informe se debe agregar el código fuente así como capturas de pantalla de la ejecución y resultados del mismo.

5. Ejercicios

1. Implemente el algoritmo de alineamiento local utilizando el algoritmo de Smith-waterman. Evalúe sus resultados con las secuencias:

- S_1 : AGC
- S_2 : AAG

Utilice $gapOpen = gapEXTEND = -5$ y la siguiente matriz de sustitución:

	A	C	G	T
A	2	-7	-5	-7
C	-7	2	-7	-5
G	-5	-7	2	-7
T	-7	-5	-7	2

La salida debe incluir el *score matrix* y todos los alineamientos posibles.

2. Utilice el algoritmo implementado anteriormente, pero esta vez con secuencias reales. Se recomienda utilizar las secuencias de ADN. Utilice $gapOpen = gapEXTEND = -5$, $identicalMatch = 2$ y $mismatch = -2$. Puede utilizar estas bases de datos:
 - NCBI virus.
 - Virus pathogen resource.
 - Castor.
3. Evalúe la pregunta anterior con otros valores de $gapOpen$, $gapEXTEND$, $identicalMatch$ y $mismatch$. Verifique si obtiene el mismo alineamiento y comente sus resultados.