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



# Solución de la práctica 05

MSc. Vicente Machaca Arceda

4 de julio de 2020

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

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
- $\blacksquare$  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.

			A	G	С
		0	1 2		3
	0	0	← -2	← -4	← -6
A	1	↑-2	R 1	<b>←-1</b>	← -3
A	2	↑-4	<b>K</b> ↑ -1	K 0	<b>K</b> ← -2
A	3	↑-6	<b>R</b> ↑ -3	<b>K</b> ↑ -2	<b>₹</b> -1
С	4	↑-8	<b>↑</b> -5	<b>K</b> ↑-4	<b>₹</b> -1

Aliemanaanta	A A A C	A A A C	A A A C
Alignments	- A G C	A G - C	A - G C
Score	(-2)+1+(-1)+1=-1	1+(-1)+(-2)+1=-1	1+(-2)+(-1)+1=-1
Solution	Best Alignment	Best Alignment	Best Alignment

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.

			T	T	С	G
		0	1	2	3	4
	0	0	← -1	← -2	← -3	← -4
A	1	↑-1	K ← -1	<b>K</b> ← -2	<b>K</b> ← -3	<b>K</b> ←-4
T	2	↑-2	K 0	<u>k</u> 0	← -1	← -2
A	3	↑-3	↑ -1	<u> </u>	<b>₹</b> -1	<b>₹</b> -2
G	4	↑-4	↑ -2	<b>⊼</b> ↑-2	<b>K</b> ↑-2	K 0

Alignments	A	Т	A	G	A	-	Т	A	G
	Τ	$\mathbf{T}$	$\mathbf{C}$	G	-	Τ	$\mathbf{T}$	$\mathbf{C}$	G
Score	(-1)-	+1+(	(-1)+	-1 = 0	(-1)-	+(-1)	)+1-	1+1	= -1

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.

			T	G	A	С	Т	G	A	G
		0	1	2	3	4	5	6	7	8
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	1	0	0	0	K1	0	0	0	K 1	0
T	2	0	K1	0	0	K1	K1	0	0	K 0
A	3	0	0	₹0	K1	0	K ()	K 0	K 1	0
С	4	0	0	0	0	K 2	←0	0	0	K 0
T	5	0	K1	0	0	0	<b>R</b> 3	←1	0	0
G	6	0	0	K 2	←0	0	↑1	K4	←2	K1
G	7	0	0	↑0	0	0	0	<b>K</b> 2	K 3	K 3
G	8	0	0	K1	0	0	0	K1	<b>K</b>   1↑	K4

Alignments	A	С	Τ	G	G	G	A	С	Τ	G
	A	$\mathbf{C}$	$\mathbf{T}$	G	A	G	A	$\mathbf{C}$	$\mathbf{T}$	G
Score	1+1-	1+1+1+1+(-1)+1=4					1+1	+1+	1 =	4