Aluno: Felipe Colombelli Cartão: 00287698

Nota inicial: para a resolução da lista de exercícios, foi utilizado Python 3 - com auxílio da biblioteca Bio (para utilização da matriz blosum62 que em termos de TAD é disponibilizada num dicionário).

Questão 1-a:

Pseudocódigo

Foi utilizado o editor VS Code pela facilidade de formatação que inclui também o número de linhas.

```
// Primeiro definimos a classe responsável pelas operações de alinhamento
Classe: Alinhador
Recebe os parâmetros:
  seq1 - sequência 1
  seg2 - seguencia 2
  penalidadeGap
  penalidadeMiss
   scoreDeMatch
Construtor:
  Todos os parâmetros viram atributo do objeto, além dos atributos
   * scoreFinal // que começa com 0
   * identidade // que começa com 0
   // a matriz de trace back será preenchida com caracteres indicando como foi construída
   // a matriz de alinhamento. Onde d: diagonal; l: esquerda; u: cima; f: posição (0,0)
    * string1 // Resultado de alinhamento da seq1
   * string2 // Resultado de alinhamento da seq2
Métodos:
                     // recebe uma posição i,j na matrix e compara a posição i-1,j-1
    pegaValor(i, j)
                     // das sequências, retornando o máximo valor de acordo com a fórmula dada
                     // além da operação escolhida (match/missmatch, gap na seq1, gap na seq2)
```

```
alinha():
   Preenche a coluna 0 da matrizDeTraceBack com 'u'
   Preenche a linha 0 da matrizDeTraceBack com 'l'
   Assina a posição (0, 0) da matrizDeTraceBack com 'f'
   Preenche a coluna 0 da matrizAlinhamento com valor da linha anterior + penalidadeGap
   Preenche a linha 0 da matrizAlinhamento com valor da coluna anterior + penalidadeGap
   Assina a posição (0, 0) da matrizDeTraceBack com 0
   Para i, j da matrizAlinhamento:
       Se i ou j forem iguais a 0:
           Pula iteração // pois já foram preenchidos
       matrizAlinhamento[i][j], operação = pegaValor(i, j)
       matrizDeTraceBack[i][j] = operação
    scoreFinal = última i,j da matrizAlinhamento
   fazAlinhamento()
fazAlinhamento():
   string1 = ''
   string2 = ''
   OperaçãoAtual = matrizDeTraceBack[último i][último j]
   i,j = últimos i,j da matrizDeTraceBack
```

```
Enquanto OperaçãoAtual != 'f':
           Se OperaçãoAtual for 'd' (diagonal):
               string1 recebe o caractere i da seq1
                                                      // ou seja, alinha
               string2 recebe o caractere j da seq2
                                                      // ou seja, alinha
               i = i-1
               j = j-1
           Se OperaçãoAtual for 'l' (esquerda):
               string1 recebe -
                                 // ou seja, recebe um gap
               string2 recebe o caractere j da seq2
                                                     // ou seja, alinha
               j = j-1
           Se OperaçãoAtual for 'u' (cima):
               string1 recebe o caractere i da seq1
                                                      // ou seja, alinha
               string2 recebe - // ou seja, recebe um gap
               i = i-1
       calculaIdentidade()
   calculaIdentidade():
       Conta o número n da maior string final entre as duas alinhadas
       identidade = número de caracteres iguais nas mesmas posições das
                     das strings 1 e 2 alinhadas, dividido por n
// Com a classe definida, podemos prosseguir com os alinhamentos
```

```
gap = -4

86 match = 5

87 missmatch = -3

88

89 scores = {} // dicionário do tipo "humano vs animal": (score, identidade)

90

91 Para cada animal:

92 alinhador = Alinhador(seqHumana, seqAnimalAtual, gap, missmatch, match)

93 alinhador.alinha()

94 scores["humano vs animalAtual"] = (alinhador.scoreFinal, alinhador.identidade)

95

96 Dentre todos os alinhamentos realizados:

97 Pega (mostra) o com maior valor de score final

98 Se tiver outro com mesmo valor, desempata com a identidade

99 Se ambos score e identidade forem iguais, lista todos estes melhores alinhamentos que empataram
```

Considerações: ao realizar o traceback, o algoritmo de Needleman-Wunsch não pode simplesmente pegar o maior valor dentre diagonal, esquerda e cima, pois para atingir o valor da célula que se está analisando, pode ser que o algoritmo tenha escolhido introduzir um gap mesmo que fosse mais custoso que um missmatch para poder efetuar o matching posteriormente. Ou seja, no traceback não se pode apenas avaliar os valores anteriores e andar para o maior. Por isso, deve-se manter um registro de que operações foram feitas para alcançar o valor de cada célula e podermos efetuar o traceback corretamente. Qualquer Needleman-Wunsch online compactua com essa implementação, e

um exemplo prático mostrando que não funciona simplemente pegar o maior valor anterior dentre diagonal, esquerda e cima, pode ser visto no link seguinte:

http://rna.informatik.uni-freiburg.de/Teaching/index.jsp?toolName=Needleman-Wunsch

Notar que $C_4 \times C_3$ que está em 1 deveria andar para cima cujo valor é 1, no entanto anda na diagonal cujo valor é 0, pois isso possibilita a configuração de alinhamento final que realmente resultou naquele score final de 2.

Resultados:

```
Results for human vs deer:

[[ 0 -4 -8 ... -556 -560 -564]
[ -4 5 1 ... -547 -551 -555]
[ -8 1 10 ... -538 -542 -546]
...
[-552 -543 -534 ... 430 426 422]
[-556 -557 -538 ... 439 435 431]
[ -560 -551 -542 ... 435 444 440]]

VLSPADKTHVKAANGKVGAHAGEYGAEALERNFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDWPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VLSAANKSNVKAANGKVGONAPAYGAQALQRWFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQQKAHGQKVANALTKAQGHLNDLPGTLSNLSNLHAHKLRVNPVNFKLLSHSLLVTLASHLPTNFTPAVHANLNKFLANDSTVLTSKYR

Final Score: 440
Identity: 0.7659574468085106

Results for human vs horse:

[[ 0 -4 -8 ... -556 -560 -564]
[ -4 5 1 ... -547 -551 -555]
[ -8 1 10 ... -538 -542 -546]
...
[ -552 -543 -534 ... 550 546 542]
[ -556 -557 -551 -542 ... 555 556 556 556]

VLSPADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERNFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERNFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANSKVGGHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANSKVGGHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANSKVGGHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANSKYGGHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNVKAANSKYGGHAGEYGAEALERNFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHUDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKY-VLSAADKTNATATATATATAT
```

Questão 2-a:

Pseudocódigo

A única coisa diferente da questão anterior para essa, é a mudança no código do método pegaValor(i, j), que agora não mais utiliza valores passados de match e missmatch, mas sim o valor obtido ao se alinhar os aminoácidos de acordo com a tabela Blosum62, obtida pela utilização da biblioteca Bio, no formato de dicionário. Segue o pseudocódigo desse método:

```
// Mesma coisa que o anterior, porém mudando o método pegaValor(i, j)
     // que agora leva em consideração a matriz blossum62
     blosum = abre o dicionário correspondente a matriz Blosum62 na lib Bio
     pegaValor(i, j):
         tenta:
             valorBlosum = blosum[seq1[i], seq2[j]]
         caso não tenha, inverte:
11
             valorBlosum = blosum[seq2[j], seq1[i]]
12
13
         // Ou seja: caso não tenha, por exemplo, (L, M), tenta (M, L)
14
         valoresPossíveis = [
             matrizAlinhamento[i-1][j-1] + valorBlosum,
             matrizAlinhamento[i][j-1] + penalidadeGap,
17
             matrizAlinhamento[i-1][j] + penalidadeGap
         returna (max(valoresPossíveis), Operação correspondente ao max)
```

Resultados:

```
C:\Users\Pichau\Desktop\Biocomp\list 2\part 1>python e2-2a.py

Results for human vs chicken:

[[ 0 -4 -8 ... -556 -560 -564] [ -4 1 3 ... -548 -552 -556] [ -8 -2 5 ... -549 -544 -548] [ -552 -543 -535 ... 425 421 417] [ -556 -547 -539 ... 425 421 417] [ -556 -547 -539 ... 424 430 426] [ -760 -551 -543 ... 430 441 437]]

VLSPADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-MLTAEDKKLIQQAMEKASHQEEFGAEALTRMFTTYPQIKTYFPHFDLSPGSDQVRGHGKKVLGALGNAVKNVDNLSQAMAELSNLHAYNLRVDPVNFKLLSQCIQVVLAVHMGKDYTPEVHAAFDKFLSAVSAVLAEKYR

Final Score: 437

Identity: 0.5886524822695035

Results for human vs cow:

[[ 0 -4 -8 ... -556 -560 -564] [ -4 0 ... -548 -552 -556] [ -8 0 8 ... -549 -544 -548] [ -555 -544 -546 ... 627 623 619] [ -566 -552 -544 ... 627 623 619] [ -566 -552 -544 ... 627 623 619] [ -566 -552 -544 ... 627 623 639]

VLSPADKTNVKAANGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVGHAAAGYGGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-VSAADKGHVAAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPN
```

```
esults for human vs deer:
                -4 -8 ... -556 -560 -564]
4 0 ... -548 -552 -556]
0 8 ... -540 -544 -548]
   ..
-552 -544 -536 ... 545 541 537]
-556 -548 -540 ... 554 550 546]
-560 -552 -544 ... 550 561 557]]
 LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-
LSAANKSNVKAAWGKVGGNAPAYGAQALQRMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQQKAHGQKVANALTKAQGHLNDLPGTLSNLSNLHAHKLRVNPVNFKLLSHSLLVTLASHLPTNFTPAVHANLNKFLANDSTVLTSKYR
inal Score: 557
dentity: 0.7659574468085106
 esults for human vs horse:
               -4 -8 ... -556 -560 -564]
4 0 ... -548 -552 -556]
0 8 ... -540 -544 -548]
  ...
-552 -544 -536 ... 622 618 614]
-556 -548 -540 ... 631 627 623]
-560 -552 -544 ... 627 638 634]]
LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-
LSAADKTNVKAAWSKVGGHAGEYGAEALERMFLGFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKAHGKKVGDALTLAVGHLDDLPGALSNLSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLSTLAVHLPNDFTPAVHASLDKFLSSVSTVLTSKYR
inal Score: 634
dentity: 0.8723404255319149
  sults for human vs pig:
               -4 -8 ... -556 -560 -564
4 0 ... -548 -552 -556
0 8 ... -540 -544 -548
 ...
[-552 -544 -536 ... 597 593 589]
[-556 -548 -540 ... 606 602 598]
[-560 -552 -544 ... 602 613 609]]
LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-
LSAADKANVKAAWGKVGGQAGAHGAEALERMFLGFPTTKTYFPHFNLSHGSDQVKAHGQKVADALTKAVGHLDDLPGALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHHPDDFNPSVHASLDKFLANVSTVLTSKYR
inal Score: 609
[dentity: 0.8368794326241135
 esults for human vs trout:
               -4 -8 ... -564 -568 -572]
-1 -5 ... -556 -560 -564]
-5 -3 ... -548 -552 -556]
   ...
-552 -548 -540 ... 377 373 369]
-556 -552 -544 ... 386 382 378]
-560 -556 -548 ... 382 393 389]]
 -LSPADKTNVKAAWGKYGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-DLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-
SLTAKDKSVVKAFWGKISGKADVVGAEALGRMLTAYPQTKTYFSHWADLSPGSGPVKKHGGIIMGAIGKAVGLMDDLVGGMSALSDLHAFKLRVDPGNFKILSHNILVTLAIHFPSDFTPEVHIAVDKFLAAVSAALADKYR
 inal Score: 389
dentitv: 0.5594405594405595
                           -8 ... -556 -560 -564]

0 ... -548 -552 -556]

8 ... -540 -544 -548]
    .552 -544 -536 ... 599 595 591]
-556 -548 -540 ... 608 604 600]
-560 -552 -544 ... 604 615 611]]
LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY-
LSPADKTNIKSTWDKIGGHAGDYGGEALDRTFQSFPTTKTYFPHFDLSPGSAQVKAHGKKVADALTTAVAHLDDLPGALSALSDLHAYKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLACHHPTEFTPAVHASLDKFFTAVSTVLTSKYR
inal Score: 611
dentity: 0.8226950354609929
he best score was achieved when human vs horse were compared.
btained score: 634
btained identity: 0.8723404255319149
```