

Práctica 05

MSc. Vicente Machaca Arceda

13 de mayo de 2021

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

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

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. 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 | -7 | 2 | -7 | -5 |
| G | -5 | -7 | 2 | -7 |
| T | -7 | -5 | -7 | 2 |