Luiza Schmidt 281954 Ciência da Computação

### Relatório

- 1. Desenvolva um algoritmo que leia duas sequências  $n \in m$ ;
- 2. Implemente o algoritmo de Smith-Waterman para alinhar estas sequências;
- 3. O programa deve imprimir na tela a tabela final de alinhamento, as duas cadeias alinhadas e a identidade do alinhamento;
- 4. Regras:
- Valor para gap: -2
- Valor para match: +1
- Valor para mismatch: -1
- $Si,j = max \{ 0 \ Si-1,j-1 + s(ai \ , bj); \ match/mismatch \ Si,j-1 + w; \ gap \ seq 1 \ Si-1,j + w; \ gap \ seq 2 \}$
- 5. O que se pode concluir a partir do alinhamento da urease de C. ensiformis com as demais?

#### Pseudocódigo:

Função smithWaterCreate recebe duas sequências e cria uma matriz com índices m e n para cada sequência

Preenche a matriz com a primeira linha e a primeira coluna com zeros Utiliza as posições acima, à esquerda e à diagonal e as fórmulas:

```
Si,j = max { 0

Si-1,j-1+s ai, bj; match/mismatch

Si,j-1+w; gap seq1

Si-1,j+w; gap seq2

}

s(ai,bj) = 1 se ai = bj

s(ai,bj) = -1 se ai \neq bj

w = -2 gap penalty
```

para calcular as maiores valorações possíveis (calcula as três e guarda a maior na matriz, o maior valor será no mínimo zero)

Retorna a matriz

Função smithWaterBacktrack recebe uma matriz e duas sequências
Utiliza a matriz invertida e calcula novamente as valorações para descobrir de qual
posição ela surgiu (acima, à esquerda ou à diagonal)

Enquanto isso a variável score é modificada de acordo com a maior valoração da posição

Retorna as duas sequências alinhadas e o score

Função identidade recebe duas strings

Conta o total de caracteres iguais e retorna o % de identidade entre as sequências

Função biggerIndex recebe a matrix e retorna a posição do maior valor dela

**UREA X URE1** 

ensiformis X subunit alpha

ure1

GPTVGDKVRLADTELWIEVEDDLTTYGEEVKFGGGKVIRDGMGQGQMLA-ADCVDLVLTNALIVDHWGIVKADIGVKDGRIFAIGKAGNPDIQPNVTIP-I-GAATEVIAAEGKIVTAGG IDTHIHWICPQQAEEALVSGVTTMVGGGTGPAAGTHATTCTPGPWYISRMLQAADSLPVNIGLLGKGNVSQPDALREQVAAGVIGLKIHEDWGATPAAIDCALTVADEMDIQVALHSDTL NESGFVEDTLAAIGGRTIHTFHTEGAGGGHAPDIITACAHPNILPSSTNPTLPYTLNTIDEHLDMLMVCHHLDPDIAEDVAFAESRIRRETIAAEDVLHDLGAFSLTSSDSQAMGRVGEV ILRTWQVAHRMKVQRGALAEETGDNDNFRVKRYIAKYTINPALTHGIAHEVGSIEVGKLADLVVWSPAFFGVKPATVIKGGMIAIAPMGDINASIPTPQPVHYRPMFGALGSA

GPTTGDKIRLGDTNLLAEIEKDYALYGDECVFGGGKVIRDGMGQSCGHPPAISLDTVITNAVIIDYTGIIKADIGIKDGLIASIGKAGNPDIMNGVFSNMIIGANTEVIAGEGLIVTAGA IDCHVHYICPQLVYEAISSGITTLVGGGTGPAAGTRATTCTPSPTQMRLMLQSTDDLPLNFGFTGKGSSSKPDELHEIIKAGAMGLKLHEDWGSTPAAIDNCLTIAEHHDIQINIHTDTL NEAGFVEHSIAAFKGRTIHTYHSEGAGGGHAPDIIKVCGIKNVLPSSTNPTRPLTSNTIDEHLDMLMVCHHLDREIPEDLAFAHSRIRKKTIAAEDVLNDIGAISIISSDSQAMGRVGEV ISRTWQTADKMKAQTGPLKCDSSDNDNFRIRRYIAKYTINPAIANGFSQYVGSVEVGKLADLVMWKPSFFGTKPEMVIKGGMVAWADIGDPNASIPTPEPVKMRPMYGTLGKA

identidade: 66.17336152219873%

#### **UREA X URE2** ensiformis x subunit beta

GDRPIQVGSHYHFAEVNPALKFDRQQAAGYRLNIPAGTAVRFEPG

GDRPIQVGSHYHFIEVNPYLTFDRRKAYGMRLNIAAGTAVRFEPG

score: 29 identidade: 82.2222222222221%

#### **UREA X URE3** ensiformis x subunit gamma

urea

ure3 RLARGLKLNYPESVALISAFIMEGARDG-KSVASLMEEGRHVLTREQVMEGVPEMIPDIQVEATFPDGSKLVTVHNPI

RLARGVRLNYTEAVALIASQIMEYARDGEKTVAQLMCLGQHLLGRRQVLPAVPHLLNAVQVEATFPDGTKLVTVHDPI

identidade: 64.1025641025641%

### **URE1 X URE2** subunit alpha x subunit beta

ure2 VAFA

VAFA

score: 4

identidade: 100.0%

## URE1 X URE3 subunit alpha x subunit gamma



# URE2 X URE3 subunit beta x subunit gamma



A partir dos resultados obtidos, nota-se que a urease C. ensiformis tem a identidade menor com as outras ureases do que elas entre si. Sabe-se que a urease é sintetizada em fungos, algas, bactérias e invertebrados, além de existir no solo, então, a partir dessas informações, pode-se assumir que devido a diferença na identidade dos alinhamentos, as ureases subunit alpha, beta e gamma são produzidas por seres similares, enquanto a urease ensiformis é produzida por algum outro tipo de ser.