Rodrigo Ronconi Richter, 217445 Biologia Computacional, prof. Márcio Dorn Lista 3 de exercícios

Algoritmo de Smith-Waterman

Pseudocódigo

```
Fun match(a, b)
       Se a== b
              Retorna 1
       Se não
              Retorna -1
gap = -2
mLargura = tam(s1)
mAltura = tam(s2)
Matriz_sim = zeros(mLargura, mAltura)
De i=0 até mLargura
       Matriz_sim[i][0] = 0
De j=0 até mAltura
       Matriz_sim[0][j] = 0
De i=1 até mLargura
       De j=1 até mAltura
              P0 = 0
              P1 = matriz_sim[i-1][j-1] + match(s1[i], s2[j])
              p2 = matriz_sim[i][j-1] + gap
              p3 = matriz_sim[i-1][j] + gap
              matriz\_sim[i][j] = max(p0, p1, p2, p3)
maxNumber = maior_nro_da_matriz
maxNumberl = i desse numero
maxNumberJ = j_desse_numero
Enquanto matriz_sim[i][j] > 0
       Se matriz_sim[i][j] == matriz_<math>sim[i-1][j-1] + match(s1[i], s2[j])
              alinhamentoS1 = s1[i] + alinhamentoS1
              alinhamentoS2 = s2[j] + alinhamentoS2
              j-=1
```

```
i-=1
   Se não matriz sim[i][i] == matriz sim[i-1][i] + gap
       alinhamentoS1 = s1[i] + alinhamentoS1
       alinhamentoS2 = '-' + alinhamentoS2
       i-=1
   Se não
       alinhamentoS1 = '-' + alinhamentoS1
       alinhamentoS2 = s2[i] + alinhamentoS2
       j-=1
qtdeAlinhamento = 0
de i=0 até tam(s1)
   se s1[i] == s2[i]
       qtdeAlinhamento+=1
imprime('Tabela final:',matriz sim)
imprime('Sequencia 1 alinhada localmente: ', alinhamentoS1)
imprime('Sequencia 2 alinhada localmente: ', alinhamentoS2)
imprime('Identidade do alinhamento: ', qtdeAlinhamento)
Resultados
Entrada: lesma.fasta
humano.fasta
Saída:
('Tabela final:', ...
1, 0, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 1, 0, 0, 0, 0,
0, 0, 0]
('Melhor alinhamento local para a sequencia 1: ', 'LSEEDRKA')
('Melhor alinhamento local para a seguencia 2: ', 'LSEAERKA')
```

('Identidade do alinhamento: ', 6)