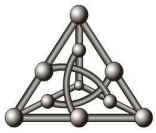
UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
FACULDADE DE COMPUTAÇÃO



Introdução à Bioinformática - T1
Vários Cursos
– FACOM/UFMS –

Primeira Trabalho da disciplina[1]

– Alinhamento de Sequências –

O principal objetivo deste trabalho é a implementação dos algoritmos vistos em sala para o problema do alinhamento de sequências.

O seu programa deve receber duas sequências u e v construídas sobre um alfabeto qualquer Σ (tal que '$-$' $\notin \Sigma$) e uma função de pontuação qualquer $w : \bar{\Sigma} \times \bar{\Sigma}$ que atribui um valor inteiro para cada par de caracteres de $\Sigma \cup \{'-'\}$ e devolver um alinhamento ótimo global e local de u e v assim como o valor da similaridade entre elas. As sequências serão fornecidas em arquivo, enquanto que a função de pontuação será fornecida via terminal. A saída do seu programa deverá ser impressa no terminal.

As sequências de entrada serão fornecidas no formato FASTA. Nesse formato, a primeira linha do arquivo inclui a identificação da sequência e, em seguida, outras informações relacionadas a ela, tudo precedido do sinal '>'. As linhas seguintes, de tamanho 70 (a menos da última, que pode ter menos do que 70 caracteres), incluem os caracteres que constituem a sequência. Abaixo temos um exemplo de sequência no formato FASTA cuja identificação é AB010874.

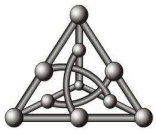
```
>AB010874 Homo sapiens gene da proteina ribossomal L41
TTCGCCTTTCTCTCGGCCTTAGCGCCATTTTTTTGGGTGAGTGTTTTTTGGTTCCTGCGTTGGGATTCCG
TGTACAATCCATAGACATCTGACCTCGGCACTTAGCATCATCACAGCAAACTAACTGTAGCCTTTCTCTC
TTTCCCTGTATAAACCTCTGCGCCATGAGAGCCAAGGTGAGCGGTTCCTGGTAGTAAGCTTGGGAGGTAG
GAGTTGGCGAGTAGTAGCGGGGAGACGAAGGCAAGTCCGCCATACCTCCTGAACTACTGGGTTTCAAGGG
TGCCCAAGAGCTGGTGGGAGAGAGAAGGTAGTTTGTGAGAGAGCTAGCGGTTAAGTGCTATGGGTAGAGA
```

Figura 1: Exemplo de sequência no formato FASTA

A saída do seu programa deve conter o nome de cada uma das sequências e o alinhamento propriamente dito, com 30 caracteres por linha. Explicite as colunas do alinhamento com caractere iguais e diferentes com os símbolos '—' e '!', respectivamente. As colunas com espaços devem ser explicitadas com o símbolo '$-$' na sequência onde espaços foram inseridos. A similariade das sequências deve ser impressa na linha seguinte à ultima linha do alinhamento, no formato `similaridade:<valor da similaridade>`, onde o valor da similaridade é um inteiro.

A seguir pode ser visto um exemplo de saída, no formato especificado, para duas sequências quaisquer `ACCAGTACACCAGATCACAGATAATAGAGACACAGATAACACAGAATAT` e `GGGACTAGTAGATACCAGTA`,

[1] Versão 1 - Este documento pode sofrer modificações de acordo com discussões em sala de aula ou no fórum de discussão.



denominadas seq1 e seq2 respectivamente, e uma função de pontuação tal que $w(a, a) = 1$, $w(a, b) = -1$ e $w(-, b) = w(a, -) = -2$.

```
seq1: ACCAGTACACCAGATCACAGATAATAGAGA
          |       |      |  |!|  ||
seq2: ----G-------G------G--ACT--AG-

seq1: CACAGATAACACAGAATAT
        !|||| || |||  ||
seq2: --TAGAT-AC-CAG--TA-
Similaridade: -42
```

Figura 2: Exemplo de saída do programa

Você pode assumir que as sequências de entrada terão no máximo 1000 caracteres.

A implementação dos dois algoritmos deve ser feita em um único programa. Esse programa deve ser escrito em C ou em C++, e permitir sua execução da seguinte forma:

```
<nome executável> [-g,-l] -u <arquivo 1a. sequencia> -v <arquivo
 2a. sequência> -i <w(a,a)> -d <w(a,b)> -e <w(-,b) ou w(a,-)>
```

Nas duas linhas acima, -g, e -l correspondem ao tipo de alinhamento desejado (global, e local, respectivamente). Já sobre os parâmetros -i, -d e -e, eles correspondem aos valores atribuídos pela função de pontuação para colunas com caracteres iguais, diferentes e espaço, respectivamente.

Deem uma olhada em como utilizar os argumentos argc e argv da main para permitir a execução do programa conforme descrito acima.

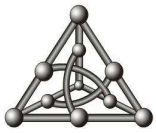
1 Entrega do trabalho

O código fonte do seu programa deve ser entregue até as **23h:55min do dia 21 de janeiro de 2016** diretamente no Sistema de Suporte a Disciplinas da FACOM (`ead.facom.ufms.br`), na seção referente à disciplina Introdução à Bioinformática. Você pode submeter seu arquivo quantas vezes quiser, **observando que a última submissão é a que será considerada**. **Vale salientar também que nenhum trabalho será recebido fora do prazo**.

2 Critérios de correção

O principal critério de correção a ser utilizado pelo professor é a correção do programa. Ou seja, o número de casos de testes que ele resolve corretamente,

Sobre o código-fonte, ele também será corrigido com base nos seguintes critérios:



1. erros de compilação: programas com erros de compilação receberão nota 0 (zero).
2. *warnings*: programas que apresentarem *warnings* ao serem compilados serão penalizados (por cada *warning* encontrado);
3. clareza e organização: programas com código confuso (linhas longas, variáveis com nomes não-significativos, etc.) e desorganizado (sem indentação, sem comentários, etc.) também serão penalizados;
4. eficiência: programas muito ineficientes também serão penalizados.

Durante a correção, os programas serão compilados com as opções `-Wall -ansi -pedantic` do gcc ou g++.

3 Conduta ética

O trabalho pode ser feito em dupla de dois ☺. Cada grupo deve fazer o seu próprio trabalho. Não repasse para e nem copie o programa de outro grupo. Trabalhos considerados plagiados receberão nota 0 (zero).