

Bioinformática – 5/12/2019)

Duração: 1 h 30 min

1. Encontre o melhor alinhamento global entre as duas sequências seguintes

TAACG  
TTAAAAC

Explique claramente os passos que tomou. Assuma que um acerto vale 1, um “mismatch” vale -1, e que o custo de um gap é -2 para gap de tamanho 1 e de -0.5 para ampliar o gap,

2. Como é que na construção das matrizes BLOSUM se fez para valorizar mais conservação entre sequências mais distantes?
3. Explique o funcionamento do BLAST iterativo ou psi-BLAST.
4. Apresente uma matriz de distâncias entre quatro sequências que juustificasse usar UPGMA.
5. Escreva umq função Python que dado um gene indica qual o codão mais frequente.
6. Dada a árvore seguinte indique o número mínimo de mutações, explicando como o obteve.

