MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.

MO640 - Biologia Computacional

Prova Individual - 02/04/2007

Questão 1 (Valor 2,0) Numa espécie diplóide, considere o acasalamento entre um indivíduo Abc/aBC e outro indivíduo AbC/Abc. Quais dos seguintes genótipos poderiam ser filhos deste acasalamento? Nota: lembre-se da possibilidade de haver ocorrido *crossing over*.

1. abc/abc
2. ABc/abC
3. aBC/Abc
4. ABC/AbC

Questão 2 (Valor 3,0) Ilustre o uso do algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências determinando um melhor alinhamento global entre `ACT` e `ATGT`. Use um sistema de pontuação que diferencia entre transições e transversões, da seguinte forma: match = 1, transição = -1, transversão = -2 e espaço = -3. Mostre a matriz resultante e um alinhamento global ótimo.

Questão 3 (Valor 2,0) Calcule a distância de Jukes-Cantor entre as seqüências abaixo:

```
TTTTGTCGCACTCTCCTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
TTTTGTCGAACCCTCGTTGTTTTTGACAATGCAATCATATGCTTCTGCTATGTTAAGCGT
```

Obs.: A fórmula da distância é:

$$d = -\frac{3}{4} + \ln\left(1 - \frac{4}{3}p\right),$$

onde p é a freqüência de mutações observada.

Questão 4 (Valor 3,0) Aplique o algoritmo de programação dinâmica para comparação de seqüências para determinar um alinhamento local ótimo entre `TCGATAT` e `CTATA`. Se houver mais de um alinhamento ótimo, escolha um de comprimento máximo. Use match = 1, mismatch = -1 e espaço = -2. Mostre também a matriz resultante.