



### Exercício 5

Você usará as planilhas Needleman-Wunsch.xls e Smith-Waterman.xls, que podem ser abertas com o Excel.

Para as questões 1, 2 e 3, utilize a sequência abaixo:

>seq  
AGCCCTCCAGGACAG

- 1.- A partir dessa sequência, faça uma outra sequência em que você irá deletar de um a três nucleotídeos nela. Em seguida faça o alinhamento com a planilha com o algoritmo de alinhamento global e verifique se o alinhador consegue recuperar a(s) mutação(ções) provocada por você.
- 2.- Faça uma nova sequência com uma repetição interna de 5 a 8 nt a partir da sequência fornecida. Alinhe com alinhador local e verifique se o alinhador consegue recuperar a alinhamento desejado.
- 3.- Utilizando os dois algoritmos, faça uma inversão entre os nucleotídeos 6 e 10. Lembre-se que o DNA tem cadeia dupla anti-paralela!!! Verifique os alinhamentos produzidos.
4. Envie os alinhamentos produzidos nos itens acima e discuta os resultados.
- 5.- Classifique a dificuldade desse exercício:
  - A) Fácil demais, fiz durante a aula e sobrou tempo;
  - B) Adequado, fiz dentro do tempo programado;
  - C) Um pouco puxado, tive que deixar uma parte para fazer em casa;
  - D) Puxadíssimo, fiquei vários dias debruçado sobre um computador.

Envie as respostas desse exercício para o email [diegotsouza@hotmail.com](mailto:diegotsouza@hotmail.com) com cópia para [srmatioli@ib.usp.br](mailto:srmatioli@ib.usp.br), com assunto da mensagem [BIO-0456] Exercício 5. NÃO ESQUEÇA DE IDENTIFICAR-SE.