



[SCC000271] Introdução à Bioinformática
Lista de exercícios 4

Professor: Dilvan de Abreu Moreira
Estagiário PAE: Pedro Shiguihara
09 de novembro de 2011

1. Definir os conceitos: *outgroup*, ultrametricidade e mutações sinónimas.
2. Desenhar a árvore filogenética descrita pela representação Newick: $((A,B),C),(D,E),F)$
3. Desenhar todas as possíveis árvores sem raiz para as sequências: A, B, C e D. Determinar a árvore mais provável levando em conta a matriz (matriz quadrada):

	A	B	C	D
A		15	26	28
B			29	31
C				12
D				

4. Dadas as sub-sequências: A="CCTGCCCCTGCTGGCGCTGC", B="GGTGCCCCTGCTGGCCCTGC", estimar o número de substituições nessa região de A e B.
5. Dados a sequência de códons: ATGCGCCTCCTGCCCCTGGCGGCCGGGAA. Determinar qual é a fração dos 15 códons que serão sinónimos. Utilizar a tabela de aminoácidos:

	A	G	C	T				
A	AAA	K	AGA	R	ACA	T	ATA	I
	AAG	K	AGG	R	ACG	T	ATG	M
	AAC	N	AGC	S	ACC	T	ATC	I
	AAT	N	AGT	S	ACT	T	ATT	I
G	GAA	E	GGA	G	GCA	A	GTA	V
	GAG	E	GGG	G	GCG	A	GTG	V
	GAC	D	GGC	G	GCC	A	GTC	V
	GAT	D	GGT	G	GCT	A	GTT	V
C	CAA	Q	CGA	R	CCA	P	CTA	L
	CAG	Q	CGG	R	CCG	P	CTG	L
	CAC	H	CGC	R	CCC	P	CTC	L
	CAT	H	CGT	R	CCT	P	CTT	L
T	TAA	*	TGA	*	TCA	S	TTA	L
	TAG	*	TGG	W	TCG	S	TTG	L
	TAC	Y	TGC	C	TCC	S	TTC	F
	TAT	Y	TGT	C	TCT	S	TTT	F

6. Dada a matriz de distância (matriz quadrada):

	A	B	C	D
B	3			
C	6	5		
D	9	9	10	
E	12	11	13	9

Fazer a construção da árvore filogenética utilizando o algoritmo UPGMA.

7. Dada a matriz de distância (matriz quadrada):

	B	C	D	E
A	5	4	9	8
B		5	10	9
C			7	6
D				7
E				

Fazer a construção da árvore filogenética utilizando o algoritmo Neighbor-Joining.