

## Resolução dos exercícios – 14/03/2005

**MC931/MO640 A**  
**Prof João Meidanis**

**Texto:** Education, Pevzner 2004

**Redator da ata:** Vinícius Geraldo Felix

1. Considerando o jogo usado no artigo de Pevzner, calcule a probabilidade de surgir uma posição ganhadora quando a localização do rei é sorteada ao acaso num tabuleiro  $N \times N$ .

	0	1	2	3	4	5	6	7	8
0		←	*	←	*	←	*	←	*
1	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
2	*	←	*	←	*	←	*	←	*
3	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
4	*	←	*	←	*	←	*	←	*
5	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
6	*	←	*	←	*	←	*	←	*
7	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑	↖	↑
8	*	←	*	←	*	←	*	←	*

A estratégia adotada aqui é calcular o número de posições não ganhadoras em função da ordem  $N$  do tabuleiro (que chamaremos de  $E(N)$ ), e depois calcular a probabilidade de escolher ao acaso uma posição que NÃO seja uma dessas contabilizadas em  $E(N)$  (chamaremos essa probabilidade de  $P(N)$ ).

Um esclarecimento sobre a resolução se faz necessário: o autor considera que um tabuleiro de ordem  $N$  tem  $(N+1) \times (N+1)$  posições (cada lado é numerado de 0 a  $N$ ). Além disso, considera-se que  $E(0) = 1$ .

Para o cálculo de  $E(N)$ , podemos dividir a solução em duas: para  $N$  par e  $N$  ímpar. Percebe-se pela figura que:

$$E(N) = E(N-1) \quad , \text{ se } N \text{ for ímpar.}$$

$$E(N) = E(N-2) + N + 1 \quad , \text{ se } N \text{ for par.}$$

Por recorrência, encontramos o valor de  $E(N)$  para  $N$  par:

$$E(N) = \frac{N^2}{4} + N + 1$$

E assim conseguimos encontrar o valor de  $E(N)$  para  $N$  ímpar:

$$E(N) = \frac{((N-1)^2)}{4} + N$$

Agora devemos calcular a probabilidade desejada, que é dada por:

$$P(N) = 1 - \frac{(E(N))}{((N+1)^2)}$$

Assim, temos que:

$$P(N) = 1 - \frac{(N^2 + 4N + 4)}{(4 \cdot (N+1)^2)}, \text{ se } N \text{ for par}$$

$$P(N) = 1 - \frac{(((N-1)^2) + 4N)}{(4 \cdot (N+1)^2)}, \text{ se } N \text{ for ímpar}$$

No infinito,  $P(n) \approx 75\%$

2. No artigo de Pevzner, são citados os programas BLAST e GenScan. Descubra o que estes programas fazem, descrevendo também claramente suas entradas e saídas.

**BLAST (Basic Local Alignment Search Tool):**

É uma ferramenta que calcula a distância entre seqüências tanto no aspecto global (avaliando as semelhanças das seqüências como um todo) quanto localmente (encontrando similaridades entre certas partes das seqüências).

Entrada: Pode ser uma seqüência de aminoácidos ou nucleotídeos seguindo o formato FASTA, ou então o GI (GenBank Identifier) de uma proteína ou gene. Também deve-se selecionar o banco de dados e o programa a ser executado (diferenciando-se por tratar de proteínas ou genes).

Saída: Um arquivo txt ou html contendo os GI das seqüências identificadas como semelhantes, um gráfico estatístico da busca, o valor esperado sobre a precisão do pareamento e a pontuação calculada para a busca.

**GenScan:**

O GenScan é um programa de predição gênica usado para a localização de possíveis genes em seqüências de DNA. Ele é capaz de identificar, dependendo do genoma analisado, regiões gênicas codificadoras (éxons) e não codificadoras (íntrons).

Entrada: seqüência de nucleotídeos no formato FASTA.

Saída: tabela contendo informações sobre o início, fim, comprimento, probabilidade de exons, entre outros parâmetros, seguida das seqüências identificadas como genes.