

MO640 – Biologia Computacional
Primeiro Semestre de 2009
Sétima Lista de Exercícios

1. Dados genomas completamente sequenciados, como determinar todos os blocos conservados comuns entre os dois genomas (inclusive com informação de orientação relativa entre os blocos)?
2. A distância de reversão entre genomas é uma métrica? Justifique sua resposta.
3. Nos dois casos listados abaixo, identifique qual o genoma π' , tal que $((((\pi \cdot \rho_1) \cdot \rho_2) \dots) \cdot \rho_t) = \sigma$ e $((((\pi' \cdot \rho_1) \cdot \rho_2) \dots) \cdot \rho_t) = \iota$ e $d(\pi, \sigma) = d(\pi') = t$.
 - a. Genomas sem orientação de genes:
 $\pi = (6, 5, 7, 2, 4, 1, 3)$
 $\sigma = (7, 2, 5, 3, 6, 1, 4)$
 - b. Genomas com orientação de genes:
 $\pi = (-8, -6, +4, +2, -1, +3, -5, +7)$
 $\sigma = (-1, +2, -3, -4, -5, +6, -7, -8)$
4. Ordene usando o número mínimo possível de reversões o genoma (sem orientação de genes) $\pi = (5, 2, 7, 4, 1, 6, 3)$. Justifique sua resposta.
5. Escreva o pseudocódigo de uma adaptação do algoritmo Insertion Sort de tal forma que todas as trocas de elementos sejam feitas através de reversões. Qual a complexidade deste algoritmo adaptado? Quantas reversões, no pior caso, são necessárias para ordenar qualquer permutação de tamanho n , usando este algoritmo?
6. Prove ou forneça um contra-exemplo para a seguinte afirmação:
Seja π uma permutação que representa um genoma sem orientação conhecida dos genes. Se (π_i, π_{i+1}) e (π_j, π_{j+1}) são adjacências, então $\Delta_b(\pi, \rho(i+1, j)) > 0$.
7. Prove a seguinte afirmação:
Seja π uma permutação com pelo menos uma *strip* decrescente. Então, existe uma reversão ρ tal que $\Delta_b(\pi, \rho) < 0$.
8. Considere a permutação $\pi = (-4, +5, +2, -1, -6, +3)$, que representa um genoma com orientação conhecida dos genes em relação a permutação identidade. Quais são os pares orientados de π ? Quais são as reversões orientadas de π ? Qual o *score* de cada uma das reversões orientadas de π ?
9. Quais são os *framed intervals* e os *hurdles* da permutação:

$$\pi = (2, 1, 3, 6, 4, 7, 5, 8, 10, 9, 11, 14, 12, 13)$$

10. Calcule a distância de reversão da seguinte permutação em relação a identidade:

$$\pi = (+2, +1, +3, +6, +4, +7, +5, +8, +10, +9, +11, +14, -12, +13)$$