

# **ALINHAMENTOS LOCAIS E SEMI-GLOBAIS**

Katia Guimarães

# Alinhamento Semi-global

Similar ao alinhamento global, mas ignora espaços nos extremos das seqüências.

Aplicação: Montagem de Fragmentos

*Ex:*

- - - - - CAGCACTTGGATTAGAC  
TACCTGCGCAGCG - TGG - - - - -

Teremos 6 matches, 2 mismatches e 1 space.

# Alinhamento Semi-global

CAGCA - CTTGGATTCTCGG  
- - - CAGCGTGG - - - - - (-19)

Nem sempre é o melhor alinhamento global entre as duas seqüências (-12):

CAGCACTTGGATTCTCGG  
CAGC - - - - G - T - - - - GG

# Achando o alinhamento semi-global

Para não computar os espaços após o último caracter de  $s$ , ignoramos o sufixo de  $t$  que casa com aqueles espaços.

O que sobra é um alinhamento entre  $s$  e um prefixo de  $t$ :

**Ex:**     $t = \text{TGGATTCTCGG}$   
           $s = \text{TGG} - - - - -$

# Achando o alinhamento semi-global

O que sobra é um alinhamento entre  $s$  e um prefixo de  $t$ :

**Ex:**     $t = \text{TGGATTCTCGG}$   
           $s = \text{TGG} - - - - -$

Logo, devemos tomar o **maior valor na última linha de  $M$** , isto é:

$$\text{sim}(s, t) = \text{máx}_{j=1..n} M[m, j]$$

# Achando o alinhamento semi-global

Considerando este maior valor na última linha de  $M$ :

$$\text{sim}(s, t) = \text{máx}_{j=1..n} M[m, j]$$

Para conseguir o alinhamento é só começar a busca numa célula  $(m, k)$  da matriz, onde  $k$  é tal que

$$\text{sim}(s, t) = M[m, k].$$

# Achando o alinhamento semi-global

Por um argumento análogo, quando não queremos considerar o custo de espaços finais em  $t$ , tomamos o máximo na última coluna de  $M$ .

Combinando os dois casos, tomamos o valor máximo da matriz na borda: última linha ou última coluna.

# Achando o alinhamento semi-global

Para não computar os espaços iniciais em  $s$ , (equivalente a um alinhamento entre  $s$  e um sufixo de  $t$ ), não penalizamos os gaps iniciais.

**Ex:**  $t = \text{CAGCA - CTTGG}$   
 $s = \text{- - - CAGCGTGG}$

## Como conseguir este efeito na tabela?

# Achando o alinhamento semi-global

## INICIALIZAÇÃO.

Para não penalizar por gaps no início das cadeias, ao invés de penalizar com  $(i, g)$  ou  $(j, g)$ , inicializamos a primeira linha e a primeira coluna com zeros.

# Achando o alinhamento semi-global

Em resumo:

<b>Onde espaços são grátis</b>	<b>Ação</b>
Remoção no Início	Inic. 1a. linha com 0's
Inserção no início	Inic. 1a. coluna com 0's
Remoção no Final	Máx. na última linha
Inserção no Final	Máx. na última coluna

# Alinhamento Local

Dadas duas seqüências  $s$  e  $t$ , identificar o alinhamento de melhor *score* entre um **substring** de  $s$  e um **substring** de  $t$ .

O algoritmo será o mesmo que usamos para alinhamento global, com algumas alterações.

# Alinhamentos Locais

Ainda teremos uma matriz  $(m+1) \times (n+1)$  mas cada entrada  $(i, j)$  vai conter o maior *score* de um alinhamento entre um **sufixo** de  $s[1..i]$  e um **sufixo** de  $t[1..j]$ .

Para isso, a primeira linha e a primeira coluna vão ser inicializadas com zeros.

# Observação

Para qualquer entrada  $(i, j)$  há sempre o alinhamento entre os sufixos vazios de  $s[1..i]$  e de  $t[1..j]$ , que tem *score* zero.

Portanto, este array terá todas as entradas maiores ou iguais a zero.

# Usaremos ainda Programação Dinâmica

$$M(i, j) =$$

max

$$M(i, j-1) - 2$$

(último passo = **I**)

$$M(i-1, j-1) + p(i, j)$$

(último passo = **S/M**)

$$M(i-1, j) - 2$$

(último passo = **R**)

$$0$$

(**alinhamento vazio**)

## No final ...

Encontrar a maior entrada em todo o array. Este será o *score* de um alinhamento local ótimo.

O alinhamento é obtido a partir dali, seguindo de volta, e parando quando não houver aresta saindo (ou seja, onde o *score* for zero).

# Alinhamento Local - Exemplo

	$\epsilon$	C	A	G	C	A	C	T	C	A	T
$\epsilon$	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
T	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
C	0	1	0	0	1	0	1	0	2	0	0
C	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0
A	0	0	2	0	0	2	0	0	0	2	0
G	0	0	0	3	1	0	1	0	0	0	1
C	0	1	0	1	4	2	1	0	1	0	0
T	0	0	0	0	2	3	1	2	0	0	1
C	0	1	0	0	1	1	4	2	3	1	0
G	0	0	0	1	0	0	2	3	1	2	0



# Alinhamento Local - Exemplo

	$\varepsilon$	C	A	G	C	A	C	T	C	A	T
$\varepsilon$	...										
T	0	0	...								
C	0	1	0	...							
C	0	1	0	0	...						
A	0	0	2	0	0	2	0	0	0	2	0
G	0	0	0	3	1	0	1	0	0	0	1
C	0	1	0	1	4	2	1	0	1	0	0
T	0	0	0	0	2	3	1	2	0	0	1
C	0	1	0	0	1	1	4	2	3	1	0
G	0	0	0	1	0	0	2	3	1	2	0

**CAGCACTCAT**  
**TCCAGCTCG**