

Atividade 02

- 1) Desenvolva um programa que solicite o primeiro número de uma PA e sua razão. O programa deve imprimir os 10 primeiros termos.
- 2) Escreva um programa que pergunte o depósito inicial e a taxa de Juros de uma poupança. Exiba os valores mês a mês para os 24 primeiros meses. No final deve imprimir o total de ganho com juros no período.
- 3) Escreva um script que exibe a seguinte tabela de multiplicação na tela:

1				
2	4			
3	6	9		
4	8	12	16	
5	10	15	20	25

- 4) Contar nucleotídeos de uma sequência de DNA. Podemos pensar que uma fita de DNA - Genoma é simplesmente uma string formada, somente, pelas letras 'A', 'C', 'G', 'T'. Um exemplo seria a seguinte string: "ATGCTTCAGAAAGGTCTT".

- a. verificar se a sequência de DNA digitada pelo usuário é válida. caso o usuário digite letras diferentes de ATCG o código deve informar: **"sequência de DNA invalida"**. Caso a sequência digitada foi valida o programa deve:

- b. imprimir o número total de nucleotídeos na sequência
- c. Calcular e imprimir a quantidade de cada um dos quatro nucleotídeos
- d. calcular e imprimir a frequência (%) de cada um dos nucleotídeos

Segue a resposta que o programa deve gerar com a sequência **ATGCTTCAGAAAGGTCTT**

```
digite uma sequencia de DNA: ATGCTTCAGAAAGGTCTT
sequencia digitada é valida
o numero total de nucleotideos da sequencia digitada é 18
a sequencia digitada possui:
5 Adenina (A)
4 Guanina (G)
3 Citosina (C)
6 Timina (T)
A frequencia de nucleotideos na sequencia é
27.78% Adenina (A)
22.22% Guanina (G)
16.67% Citosina (C)
33.33% Timina (T)
```

- 5) crie um código em python na qual faça a leitura do arquivo fasta chamado Corona_genomic.fasta e imprima somente a sequência de aminoácidos.
- 6) A partir da leitura do arquivo Corona_genomic.fasta, Calcule a fita complementar e salve a resposta em um arquivo chamado ex07_a.txt

7) Comparando sequencias de DNA. Faça um código em python que faça a leitura dos seguintes arquivos: Seq_a.fasta e Seq_b.fasta. Após a leitura das sequencias contidas nos arquivos,

O código deve imprimir na tela:

- O número de nucleotídeos diferentes entre as sequencias. Fazer somente nas 200 primeiras posições da sequência.
- As posições, na string, em que aparece essas mudanças

```
a posição 3 foi trocado G -- > T
a posição 4 foi trocado A -- > C
a posição 5 foi trocado A -- > C
a posição 79 foi trocado A -- > G
a posição 80 foi trocado A -- > G
a posição 142 foi trocado A -- > C
a posição 143 foi trocado A -- > C
a posição 163 foi trocado A -- > C
a posição 164 foi trocado C -- > A
o numero de nucleotideos diferentes é 9
```