

### ***Lista 07 – leitura de arquivos***

- 1) Crie uma função na qual faça a leitura de um arquivo fasta chamado `Corona_genomic.fasta` e armazene em um dicionário com as chaves `seq_DNA` e `descrição`
- 2) Crie uma função, chamada `complementar`, na qual tenha como entrada o dicionário da item 1 e calcule a fita complementar da chave `seq`. A saída desta função será uma string
- 3) Crie uma função, chamada `transcrição`, na qual tenha como entrada o dicionário do item 1 e calcule o mRNA da chave `seq`. A saída desta função será o próprio dicionário de entrada adicionado a chave `seq_RNA`
- 4) Crie uma função, chamada `freq`, na qual tem como entrada o dicionário criando no item 1 e faça o cálculo das frequências, percentuais de aminoácidos da chave `seq_DNA`. Esta função deve imprimir os resultados das frequências assim como adicionar, chaves `Fa`, `Fc`, `Ft`, `Fg`, ao dicionário de entrada.
- 5) Crie uma função, chamada `compare`, na qual tem como entrada 2 dicionários do item 1 e realize a comparação das sequências de DNA. Esta função deve imprimir a quantidade de nucleotídeos alterados e quais posições foram realizadas as trocas. Conforme a imagem abaixo

```
a posição 1 foi trocado C -- > A
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 10
```

### ***Desafio***

- 6) Crie uma função que salve o dicionário criado no item 1 em um arquivo do tipo json. Dica procure no google ou chatgpt o que é um arquivo do tipo json.
- 7) Crie uma função que faça a leitura deste arquivo json e tenha como saída um dicionário da mesma forma que do item 1.