



```
This example of
Single::ToString< >,
Single::ToString< String>,
Single::ToString< IFormatProvider>, and
Single::ToString< String, IFormatProvider>
generates the following output when run in the [en-US] culture.
A Single number is formatted with various combinations of format
strings and IFormatProvider.

IFormatProvider is not used; the default culture is [en-US]:
No format string:          11876.54
'N5' format string:        11.876.54000
'E' format string:         1.187654E+004
'ES' format string:        1.18765E+004

A CultureInfo object for [nl-NL] is used for the IFormatProvider:
No format string:          11876,54
'N5' format string:        11.876,54000
'E' format string:         1,187654E+004

A NumberFormatInfo object with digit group size = 2 and
digit separator = ',' is used for the IFormatProvider:
'N' format string:          1_18_76_54
'E' format string:         1.187654E+004
Press any key to continue . . .
```



Biopython é uma coleção de ferramentas e bibliotecas de código aberto desenvolvidas em Python para a bioinformática. Ele facilita a análise e manipulação de dados biológicos

Veja algumas aplicações:

1. Leitura de Arquivos FASTA

Este exemplo mostra como ler sequências de um arquivo FASTA usando Biopython.

```
python

from Bio import SeqIO

for record in SeqIO.parse("example.fasta", "fasta"):
    print(f"ID: {record.id}")
    print(f"Sequence: {record.seq}")
```

Um arquivo FASTA contém uma ou mais sequências biológicas (DNA, RNA, ou proteínas). Cada sequência é precedida por uma linha de descrição que começa com um sinal de maior que (>). Aqui está um exemplo de um arquivo FASTA chamado example.fasta:

```
makefile

ID: seq1
Sequence: ATGCCATTGTAATGGCCGCTGAAAGGGTCCCCGATAG
ID: seq2
Sequence: ATGCCATTGTAATGGCCGCTGAAAGGGTCCCCGATAG
ID: seq3
Sequence: TTGCCATTGTAATGGCCGCTGAAAGGGTCCCCGATAG
```

2. Tradução de DNA para Proteína

Este exemplo demonstra como traduzir uma sequência de DNA em uma sequência de proteína.

```
python

from Bio.Seq import Seq

dna_seq = Seq("ATGGCCATTGTAATGGGCCGCTGAAAGGGTGCCCGATAG")
protein_seq = dna_seq.translate()

print(f"DNA: {dna_seq}")
print(f"Protein: {protein_seq}")
```

3. Alinhamento de Sequências

Aqui está como realizar um alinhamento de duas sequências utilizando o módulo pairwise2.

```
python

from Bio import pairwise2
from Bio.pairwise2 import format_alignment

seq1 = "ACCGT"
seq2 = "ACG"

alignments = pairwise2.align.globalxx(seq1, seq2)

for alignment in alignments:
    print(format_alignment(*alignment))
```

[...]