

Ficha 4

Algoritmos para Análise de Sequências Biológicas

1. Crie um projeto Github para o seu grupo. Este projeto irá crescer ao longo das aulas
2. Este trabalho será feito em grupos de 4 pessoas
3. Inscreva o seu grupo aqui: <https://forms.gle/XCbcDUiH6mtJ3KhCA>
4. Crie um módulo para armazenar as suas funções sobre sequências. O seu módulo deve providenciar as seguintes funções:
 - **ler_seq(FileHandle)** Função que recebe um ficheiro aberto e que devolve uma sequência
 - **ler_FASTA_seq(FileHandle)** Função que recebe um ficheiro aberto e que devolve uma sequência
 - **complemento_inverso(seq)** Função que devolve o complemento inverso de uma sequência de DNA
 - **transcricao(seq)** Função que devolve a transcrição de uma sequência de DNA
 - **traducao(seq)** Função que devolve a tradução de uma sequência de DNA
 - **valida(seq)** Função que verifica se uma sequência de DNA é válida (devolve True ou False)
 - **contar_bases(seq)** Função que conta as bases de uma sequência e devolve um dicionário com a contagem
 - **reading_frames(seq)** Função que devolve uma lista com as reading frames
 - **get_proteins(seq)** Função que devolve a lista de todas as proteínas ordenadas por tamanho e por ordem alfabética para as do mesmo tamanho
5. Crie um módulo de testes que teste **exaustivamente** todas as funções providenciadas pelo seu módulo
 - Lembre-se que deve testar cada função em todos os casos possíveis
 - Não se esqueça das **condições de fronteira**
6. Crie a documentação do seu módulo e de todas as funções providenciadas

Bibliografia

- [Documenting Python code](#)
- [Unit Testing Framework](#)
- [Getting Started With Testing in Python](#)