## TRABAJO FINAL

Curso: Lenguaje de Programación II.

**Semestre:** 2021-2

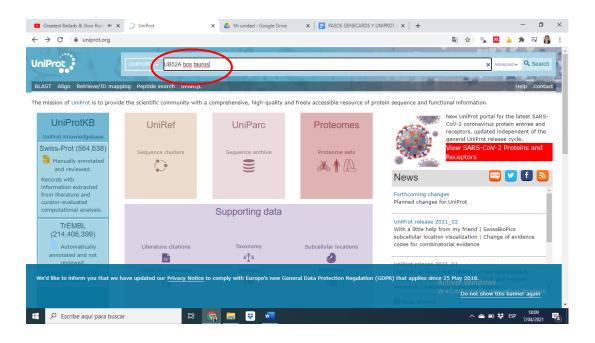
**Tema:** webscrapeo a UniProt (https://www.uniprot.org/).

## **INDICACIONES:**

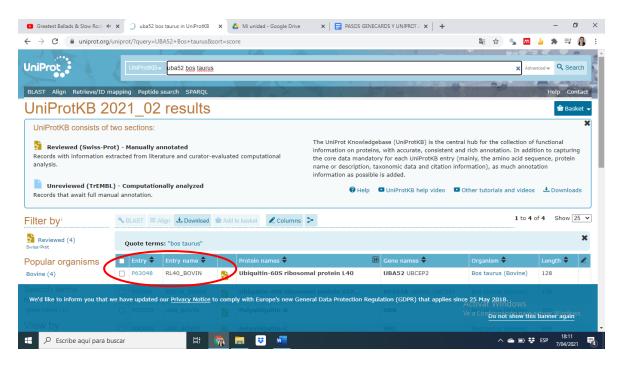
- El trabajo es grupal (integrantes de grupos ya indicados)
- Utilizar *Jupyter notebook*.
- Trabajar en equipo vía *GitHub* entre los miembros de los grupos. (Sugerencia: el jefe de grupo puede crear el repositorio del proyecto e invitar a los demás integrantes a colaborar en el proyecto).

## PROCEDIMIENTO REFERENCIAL:

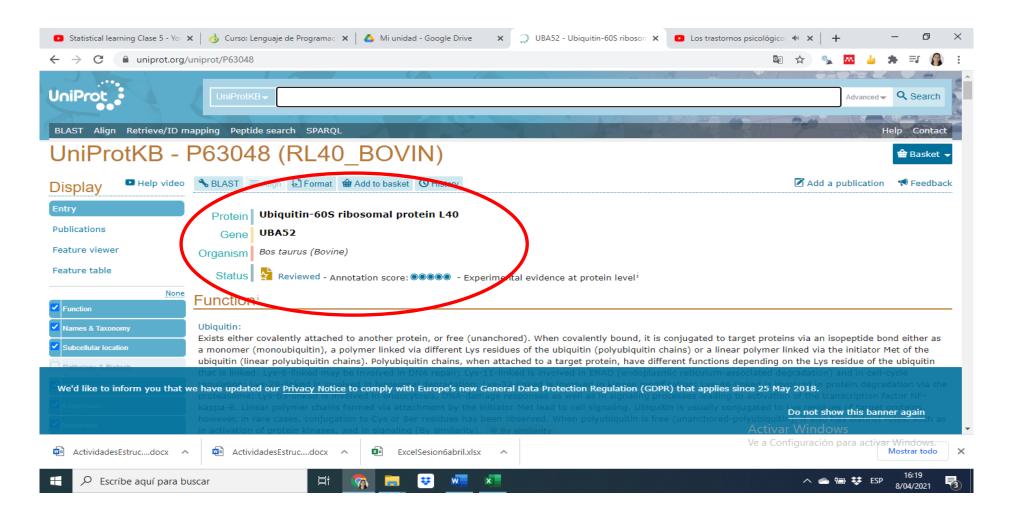
- 1. Descargar y explorar el archivo *genes identificados con vecinos.xlsx* compuesta por varias hojas las cuales tienen una columna con etiqueta: GenAbrev.
- 2. Para cada nombre del gen en abreviado (GenAbrev), abrir la página <a href="https://www.uniprot.org">https://www.uniprot.org</a> y en el buscador solicitar la búsqueda de cada una de la forma siguiente: colocar el nombre del gen y la palabra Bos Taurus. Abajo se muestra para UBA52 Bos taurus



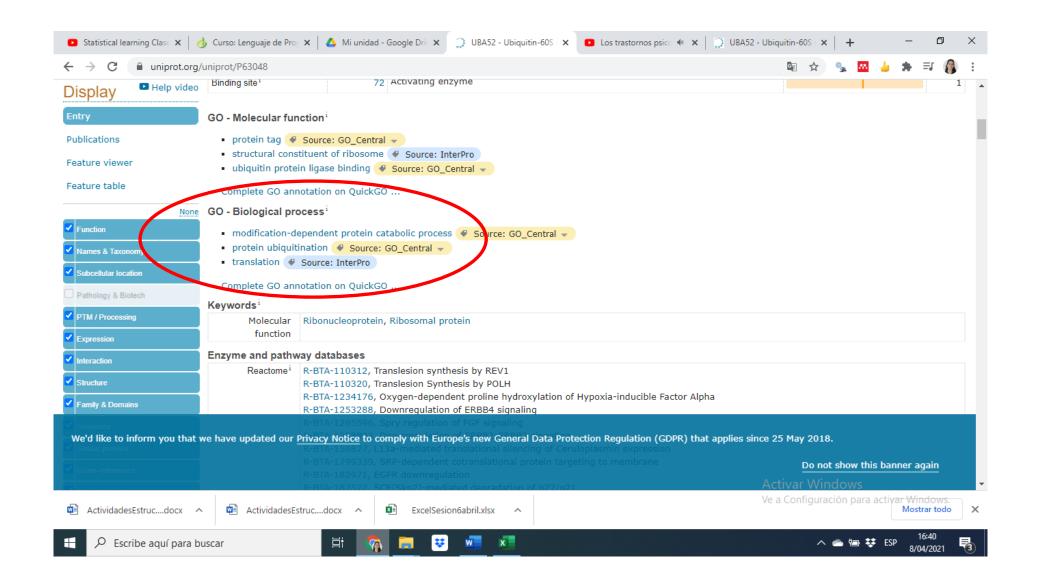
3. Se mostrará una lista de genes con el nombre buscado. Extraer información de entry y entry name.



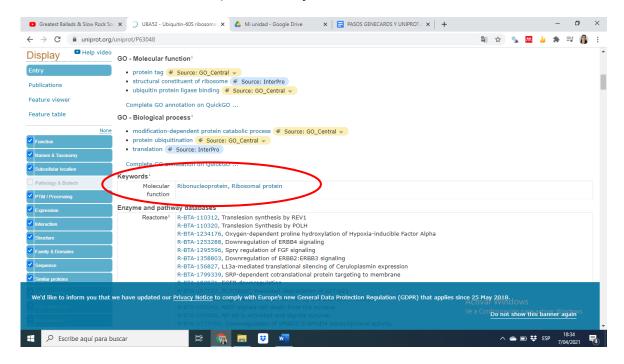
4. Seleccionar la primera opción del gen de la primera columna "entry" (clickear), la cual llevará a la siguiente pantalla y de la cual extraer la información de **Protein**, **Gene**, **Organism** y **Status**.



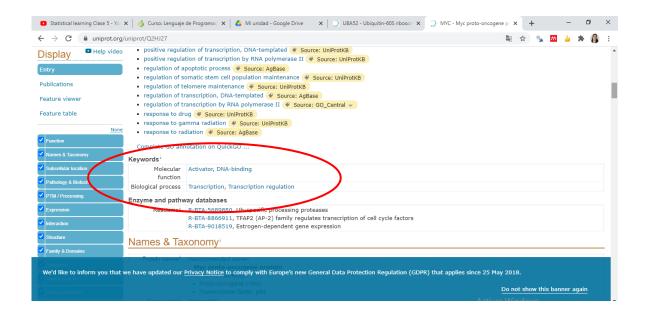
5. Extarer la infomación que corresponde a: GO - Biological process



6. Extraer también la información correspondiente a Keywords



La información correspondiente a keywords puede variar por ejemplo para: cip2a bos Taurus



7. La información debe estructurarse en un archivo .csv o .xlsx que muestre el código abreviado del gen (GenAbrev) y la información organizada de keywords (diferenciando cada tipo de función).

Sugerencia de estructura de reporte: Reporte.xlsx