

Biopython seminar tapşırıqları

- 1) **Transkripsiya etmək** – Verilmiş DNT ardıcılığını transcribe() metodundan istifadə edərək RNT ardıcılığına çevirin. Məsələn: Seq("AGTACACTGGT").transcribe()
- 2) **Translyasiya etmək** – Verilmiş RNT ardıcılığını translate() metodundan istifadə edərək müvafiq zülal (protein) sekvensiyasına çevirin. Məsələn: Seq("AUGGCCAUUGUAAUGGGUAG").translate()
- 3) **DNT və RNT fərqi** – replace() metodundan istifadə edərək DNT ardıcılığındakı T hərflərini U ilə əvəz edin və nəticəni çap edin.
- 4) **DNT sekvensiyasını amin turşularına çevirmək** – Verilmiş DNT sekvensiyasını əvvəlcə RNT-yə, sonra isə protein sekvensiyasına çevirin.
- 5) **FASTA Faylından Məlumat Çıxarmaq** – SeqIO.parse() metodundan istifadə edərək .fasta faylında olan bütün sekvensiyaların ID və uzunluqlarını çap edin.
- 6) **GenBank Faylından Annotasiyalar** – .gbk faylını oxuyaraq, genlərin adlarını və onların start-stop mövqelərini çıxarın.
- 7) **FASTA Faylında Ən Uzun Sekvensiyanı Tapın** – .fasta faylında olan sekvensiyalardan ən uzununu seçin və çap edin.
- 8) **GC məzmunu hesablamaq** – gc_fraction() metodundan istifadə edərək DNT sekvensiyasının GC tərkibini faizlə hesablayın.
- 9) **DNT sekvensiyasının motivini tapmaq** – find() metodundan istifadə edərək verilmiş DNT sekvensiyasında müəyyən bir motivin (məsələn, "ATG") olub-olmadığını yoxlayın.
- 10) **DNT sekvensiyalarını müqayisə etmək** – İki fərqli DNT sekvensiyasını müqayisə edərək oxşar və fərqli hissələri çap edin.

11) Verilmiş **DNT sekvensiyasında** potensial **kodlaşdırıcı bölgələri** (ATG start kodonu ilə başlayıb TAA, TAG və ya TGA stop kodonları ilə bitən bölgələri) tapın.

12) DNT sekvensiyasında **tandem təkrarlanan motivləri** (yəni ardıcıl olaraq bir neçə dəfə təkrarlanan qısa nukleotid ardıcılıqları) tapın və onların **təkrarlanma sayını** müəyyən edin.