

BioPython Tapşırıqları

Tələbə 1

- 1) Verilmiş UniProt ID-yə görə protein sekansını əldə et.
- 2) Protein adını və orqanizmini çap et.
- 3) Sekansın ilk 30 amin turşusunu göstər.

Tələbə 2

- 1) Sadə DNT ardıcılığı üçün GC nisbətini hesabla.
- 2) Reverse complement (əks və tamamlayıcı) ardıcılığı tap.
- 3) Sekansın uzunluğunu çap et.

Tələbə 3

- 1) ``blastn`` ilə sadə bir DNT ardıcılığını BLAST et.
- 2) Nəticəni ``.xml`` faylı kimi saxla.
- 3) BLAST nəticəsinin fayla yazıldığını yoxla (print ilə xəbər ver).

Tələbə 4

- 1) 20 nukleotidlik bir DNT sekansından forward və reverse primerləri çıxar.
- 2) Hər iki primerin GC nisbətini hesabla.
- 3) Hər primer üçün uzunluğu çap et.

Tələbə 5

- 1) Sadə Markov modeli yarat (nukleotid keçid ehtimalları ilə).
- 2) Verilən bir ardıcılığın ehtimalını hesabla.
- 3) Ən çox ehtimallı keçidi tap və çap et.

Tələbə 6

- 1) SwissProt-dan bir protein yüklə.
- 2) Sekansı və funksiyasını (description) çap et.
- 3) Sekansda “M” (metionin) sayını hesabla.

Tələbə 7

- 1) PDB kodu “1A8O” olan protein strukturunu yüklə.
- 2) Faylın .pdb formatında saxlandığını təsdiqlə.
- 3) Fayl adını çap et.

Tələbə 8

- 1) Sadə DNT ardıcılığı üçün AT nisbətini hesabla.
- 2) Sekansı `Seq` obyektinə çevir.
- 3) Sekansın əksini `[::-1]` ilə çap et.

Tələbə 9

- 1) Verilən protein sekansından ilk 10 amin turşusunu çıxar.
- 2) Sekansda “G” amin turşusunun sayını tap.
- 3) Sekansın ümumi uzunluğunu çap et.

Tələbə 10

- 1) BLAST üçün `ATGCGTACGTAGC` ardıcılığını istifadə et.
- 2) `qblast()` nəticəsini fayla yaz.
- 3) BLAST nəticəsinin ilk 100 simvolunu terminalda göstər.

Tələbə 11

- 1) Markov keçid matrisindən istifadə edərək `AGTC` üçün ehtimal hesabla.

- 2) Keçid ehtimallarını sözlərlə çap et.
- 3) Ən az ehtimal olunan keçidi tap və qeyd et.

Tələbə 12

- 1) 3D struktur üçün `1CRN` PDB kodunu yüklə.
- 2) Yüklənən faylın yerini çap et.
- 3) Vizual analiz üçün RasMol və ya Swiss-PdbViewer proqramını istifadə et.