Luego de crear las funciones, cargue el módulo miningscience como msc e imprima docstring de cada función.

```
In [1]:
```

```
# Escriba aquí su código para el ejercicio 1
Jet down load - Pudmed (Keyword):
 Entrez. email = " incorte em all
handle = Entrez. esearch (db= "Pubmed",
                            usehistory = "y")
record = Entrez read (haandle)
1 dust = record ["Idlist"]
record [ "Count"]
nandle = Entrez-e fetch idb="Pudmed"
                             retty pe="medline",
rekmode="text"
                             rebstart = 0
```

retinarize 4 3, weben zueben v. query-Key-querka filename = Keyword + "text" out-handle = open (filename, kw") data = handle. read() handle. Closel) out-handle-write(data) out-handle.closel. retorn.

Ejercicio 2 [2 puntos]

Utilice dos veces la función download_pubmed para:

- Descargar la data, utilizando los keyword de su preferencia.
- Guardar el archivo descargado en la carpeta data.

Para cada corrida, imprima lo siguiente:

número artículos para KEYWORD es: XX' # Que se cargue con inserción de texto o

Para cada corrida, imprima lo siguiente:

'El número artículos para KEYWORD es: XX' # Que se cargue con inserción de texto o valor que correspondea KEYWORD y XX

In [2]:

Escriba aquí su código para el ejercicio 2

Import re

Import re

Import miningscience-gol as msc

documento 1 = msc download - pobmed ('coidsta)

doc1 = open ("cordeta", txt)

text = doc1 read()

Print ("coidata txt biene, mimoro de artidos!"

- texts count ("PMID")))

documento 2 = msc. downloa rd. Audmo (fent)

doc2 = open (ucrestalos-txt)

text 2 = doc 7. jead()

Print ("coidalos, txt. pne prinero dearticulos":

Ejercicio 3 [1.5 puntos]

Utilice dos veces la función science_plots para:

- Visualizar un pie_plot para cada data descargada en el ejercicio 2.
- Guardar los pie_plot en la carpeta img

localhost:8888/notebooks/GDrive/IKIAM/CLASES/2022I/2022I_GBI6/2022I_GBI6_Examen_Python/2022I_GBI6G01_ExamenPython.ipynb

Escriba aquí su código para el ejercicio 3 import mentplotlip. Pyplot as plt from edlections import could PIt. Piel frame a Rules, labels = Ziraedes Import Cau f=open(K, 1) PET. Show text = f. rand() nembre = archiver! JPg' text = 1e. 3ub(r1/h/8 26311., text) fig-scenefig (c:/user_ Aradions relacion = re. Litadale (r'[A-Z] {23 {5}} (1) {5}) (text) ristate / name avahio, dPi = 300 Pais = [ciste depaises] for releven in Paises: · frewenewa Palab, append (Ruises. Count inducción) moc. marscionice (ordatetet) resul = frauencias Prelabisant() msc. anepscience (corridolostat) igual = cernter Credit 1. mos_comen CS) primt ("pares in" + 3+1 (Ziperelecion francie Polo 6)11 Ejercicio 4 [1 punto] Interprete los resultados de las figuras del ejercicio 3 les contraled reprosente les frenencies de mer accion anobe caso Escriba la respuesta del ejercicio 5. import pandes as I'd gwwso-1-PhosPhatase (EC: 3.1.3.10) Listes = [Accover with do Pf-dd. Deta Frame (2"15": Cist] 3) Print(df. head (IS))

on - Jupyter Notebook

Pf_dd. Decker Frame (2"15": cist] 3)
Print(dl. head (IS))

Ejercicio 5 [2 puntos]

Para algún gen de las enzimas que intervienen en la ruta metabolica de la gluconeogenesis (<u>Lista de genes por tipología (https://www.genome.jp/pathway/map00010+C00068</u>)), realice lo siguiente:

- 1. Una búsqueda en la página del NCBI nucleotide (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/).
- 2. Descargue el Accession List de su búsqueda y guarde en la carpeta data.
- 3. Cargue el Accession List en este notebook y haga una descarga de las secuencias de los quince primeros IDs de la accesión.
- 4. Arme un árbol filogenético para los resultados del paso 3.
- 5. Guarde su arbol filogénetico en la carpeta img
- 6. Interprete el árbol del paso 4.

quiero deux que les ensonne glucosa-I-PhosPhertasa este relevos ed nobleulemente con Arces en Enmos en su aibel h'agendia.

inicie como:

Carlitos Alimaña ha realizado el ejercicio 1

Carlitos Alimaña ha realizado el ejercicio 2

...

In []:

https://github.com/222b@l@idu/6816_ Examen & dan