

# Algoritmos para Análise de Sequências Biológicas

## Ficha 7

# Objetivo

- Treinar expressões regulares

# Exercícios

- 1 Crie uma função chamada `PROSITE2re(padrao)` que devolva a expressão regular correspondente ao padrão PROSITE
- 2 Crie uma função chamada `enzyme2re(enzyme)` que devolva a expressão regular correspondente à enzima de restrição
- 3 Crie uma função chamada `cut_positions(enzyme, seq)` que devolva uma lista dos índices correspondentes às posições de corte da enzima
- 4 Crie uma função chamada `cut_subseqs(enzyme, seq)` que devolva uma lista das subsequências correspondentes ao corte da enzima

# Exemplos

```
>>> PROSITE2re(' [AC]-x-V-x(4)-{ED} ')
re.compile(' [AC].V.{4}[^ED] ')
>>> enzyme2re('G^AMTV')
re.compile(' (?=G)A[AC]T[ACG] ')
>>> cut_positions('G^AMTV', 'GTAGATGACTGCTGAGATCGAATCTC')
[7, 20]
>>> cut_subseqs('G^AMTV', 'GTAGATGACTGCTGAGATCGAATCTC')
['GTAGATG' 'ACTGCTGAGATCG' 'AATCTC']
```