

TP d'évaluation

Travaux Pratiques de Perl orienté objet / BioPerl

Bérénice Batut

berenice.batut@udamail.fr

Mars 2015

Pour chaque exercice, vous créez un dossier nommé **Exercice<numero exercice>** dans lequel vous mettez tous les fichiers relatifs à l'exercice en question. Le script principal de chaque exercice doit s'appeler **script.pl**. L'ensemble doit être compressé sous la forme d'une archive (**tar.gz** ou **zip**) et envoyé par à l'adresse berenice.batut@udamail.fr.

Chaque méthode implémentée et chaque script doivent avoir été testés avec différents exemples qui doivent figurer dans le script. La totalité des points ne pourra être donnée si les exemples de tests utilisés ne sont pas fournis (même si la syntaxe est correcte).

Exercice 1 *3 points*

Modifier le script suivant pour que la variable *v* prenne la valeur 1 après l'exécution de **fonction**. N'effectuer que deux modifications.

```
1  #!/usr/bin/perl
2
3  use strict;
4
5  sub fonction($$){
6      my ($a, $b) = @_;
7      $a = 1;
8      $$b = 2;
9  }
10
11 my $v = 10;
12 my $w = 100;
13
14 fonction($v, \$w);
15 print "v:_", $v, "\n";
16 print "w:_", $w, "\n";
```

Exercice 2 *17 points*

On souhaite construire une classe **Gestion_Sequence** qui gère le nom, la séquence (sous forme d'un objet **Bio::Seq**) et un tableau de **Bio::Seq** contenant les séquences homologues (ayant une e-value inférieure à 10^{-6}) issues d'une recherche **Blast** et dont les séquences ont été récupérées sur **GenBank**.

Question 1 *6 points*

Écrire le constructeur qui prend en argument le nom, le chemin vers le fichier **fasta** contenant la séquence et le chemin vers le fichier contenant les sorties de **Blast**. Le constructeur doit récupérer la séquence requête dans le fichier **fasta**. Il doit aussi parcourir le fichier **Blast**, conserver les hits correspondant aux séquences homologues à la séquence requête, récupérer les séquences de ces hits en interrogeant **GenBank** en utilisant le numéro d'accension.

Question 2 *2 points*

Écrire le script principal qui crée un objet `Gestion_Sequence` pour chacun des jeux de données contenu dans le dossier `Data` et enregistre ces objets dans un tableau.

Question 3 *4 points*

Écrire tous les getters et les setters de la classe et les tester.

Question 4 *3 points*

Ajouter, à la classe `Gestion_Sequence`, une méthode `enregistre_sequences_homologues` qui écrit les séquences homologues dans un fichier `fasta` dont le nom est passé en argument. Tester cette méthode sur les jeux de données enregistrés avec les noms des fichiers de sorties correspondant à `<nom de la sequence>_homologues.fasta`.

Question 5 *4 points*

Toutes les séquences fournies ont été testées contre la même base de données et on souhaiterait savoir, dans les séquences de la base de données, combien ont été trouvées comme similaires aux séquences requête et en quelle quantité. Écrire une méthode qui fasse cette recherche et qui revoie une référence sur un tableau d'association contenant les informations pertinentes.