

TP 2 : BioPerl

Travaux Pratiques de Perl orienté objet / BioPerl

Bérénice Batut

berenice.batut@udamail.fr

Mars 2015

Exercice 1

Écrire un script qui lit le fichier `sequences_1.fasta` contenant plusieurs séquences et affiche une liste des noms des séquences et leur longueur

Exercice 2

Écrire un script qui lit le fichier `sequences_1.fasta` et affiche le nom des séquences ainsi que les 20 premières bases

Exercice 3

Écrire un script qui lit la liste des numéros d'accèsion **GenBank** contenus dans `liste_seq`, télécharge les séquences correspondantes et les met dans un fichier `fasta`

Exercice 4

Modifier le script précédent pour mettre dans le fichier de sortie seulement les séquences de *Drosophila*. Pour les séquences issues d'une autre espèce ou inconnue, afficher un message d'avertissement

Exercice 5

Écrire un script qui lit les séquences du fichier `sequences_2.fasta`, récupère les identifiants, les utilise pour télécharger les données complètes sur **GenBank**, affiche les débuts et fin de chacune des caractéristiques des séquences

Exercice 6

Écrire un script qui affiche les protéines (séquences traduites) dans un autre fichier

Exercice 7

Écrire un script qui lit le fichier `sorties_blast` et affiche pour les `hit` avec une e-value inférieur à 10^{-5}