Esame 11/09/2019

Andrea Passerini andrea.passerini@unitn.it

Informatica

Programma python

Scrivere un programma che prenda in ingresso un file con i dati di espressione genica binarizzata (sovraespresso o meno) di pazienti affetti da leucemia di tipo AML o ALL e:

- Calcoli il coefficiente di correlazione tra i valori di espressione di ciascun gene ed una patologia di tipo AML
- Stampi la lista dei geni ordinati in base al loro coefficiente di correlazione con la patologia AML

Esempio file di input

```
> cat gene_exp.txt
ATP2B4, NAP1L1, MDK, PCCB, MDS1, AML
no, no, yes, no, no, no
no, no, no, yes, yes, no
no, no, no, yes, yes, no
no, no, yes, no, yes, no
no, no, no, yes, yes
no, yes, no, yes, yes, no
no, no, no, yes, yes, no
no, no, no, yes, yes, yes
yes, no, yes, yes, yes, no
no, no, no, yes, yes, yes
no, yes, no, yes, no, no
yes, no, no, yes, yes, yes
yes, no, yes, yes, yes, no
no, no, no, yes, yes, no
```

Esempio esecuzione

Programma python: suggerimento

Si possono implementare 5 funzioni separate:

- una che legga il file dati e restituisca l'intestazione e una matrice di dati
- una che data una matrice di dati e un indice di colonna, estragga la colonna corrispondente all'indice, convertendo i valori in numerici (0 per "no", 1 per "yes")
- una che dati header e matrice di dati, per ogni gene estragga la colonna corrispondente e calcoli la sua correlazione con la patologia AML (ultima colonna della matrice). La funzione restituira' una lista di coppie gene-correlazione.
- una che data la lista di correlazioni la stampi in ordine decrescente
- una (o un main) che realizzi il programma richiesto usando le funzioni di cui sopra

Programma python: NOTA

Per calcolare il coefficiente di correlazione tra due liste, si può usare la funzione correcefdel modulo numpy

```
from numpy import corrcoef

a = [1,0,1,0,0,1]

b = [0,1,1,0,0,1]

corrcoef(a,b)[0,1]

# corrcoef restituisce una matrice di correlazione
# con [0,1] si prende la correlazione tra a e b
```