## Zadaci sa vezbi:

1.	a) Ucitati FASTA	koristeci PYSAM biblioteku i izdvojiti sekvencu na chr od:
	pozicije u promenljivu 'sekvenca'.	
	b) Napisati funkciju kamerizuj(sekvenca, k) koja za argumente ima DNK sekvencu i duzinu k-mera,	
	a vraca listu svih jedinstvenih k-mera prisutnih u sekvenci i pozvati je na izdvojenoj sekvenci. Koliko	
	je jedinstvenih k-mera duzine 4?	
	c) Napisati funkciju debruijnizuj(read, k) koja za DNK sekvencu i duzinu k-mera, za svaki jedinstveni	
	k-mer u sekvenci vraca listu njegovog levog k-1-mera i njegovog desnog k-1-mera u paru.	
	Npr: print(debruijnizuj("ACGCGTCG", 3))	
	[('AC', 'CG'), ('CG', 'GC'), ('GC', 'CG'), ('CG', 'GT'), ('GT', 'TC'), ('TC', 'CG')])	
	d) Koju vrednost vraca len(debruijnizuj(sekvenca, 3))?	
_	\ 1.1 ·· ··	FACTA CL. L. C. C. C. C. A.A

- 2. a) Ucitati \_\_\_\_\_ FASTA file koristeci PYSAM python biblioteku.
  - b) Odstampati regione svih kontiga u FASTI. Koji je njihov broj?
  - c) Koja je duzina hromozoma 17?
  - d) Dohvatiti region 43044295:43125370 sa hromozoma 17 i odrediti procenat G i C baza.
  - e) Dohvatiti region 50100:50200 sa hromozoma 1 i odrediti koliko kojih baza je prisutno. Koliko A,T,C,G?