

Thema 1, script 6

Verplichte onderdelen:

- Schrijf een programma dat op basis van informatie over een mutatie en een FASTA-bestand met een DNA- of mRNA-sequentie, deze mutatie aanbrengt in de sequentie en naar het scherm schrijft. Bv., de invoer "dna.fasta 31 33 TAG" zou de drie nucleotiden op posities 31 t/m 33 uit het bestand genaamd *dna.fasta* moeten vervangen door de nucleotide-reeks TAG.
- Zorg dat je programma de volgende mutaties correct kan uitvoeren. Denk zelf na hoe een gebruiker deleties kan invoeren.

| Casus | Beginpositie | Eindpositie | Mutatie |
|-------|--------------|-------------|---------|
| CFTR | 4474 | 4474 | T |
| CFTR | 72 | 74 | GTG |
| CFTR | 554 | 585 | - |
| CFTR | 507 | 509 | - |

- Pas je programma aan zodat de gemuteerde sequentie naar een nieuw FASTA-bestand wordt weggeschreven. Pas hierbij de header-regel aan zodat het duidelijk is dat dit bestand een mutatie bevat. De naam van het uitvoer-bestand wordt door de gebruiker aangegeven.

Bonus-onderdelen:

- Veralgemeeniseer je code zodat je programma ook mutaties in FASTA-bestanden met aminozuur-sequenties aankan (de gebruiker geeft de begin-/eindposities en de mutatie reeds in termen van aminozuren, dus je hoeft geen codon-translatie uit te voeren).
- Pas de code zodanig aan dat je programma zelf een geschikte bestandsnaam voor het uitvoerbestand afleidt op basis van de naam van het invoerbestand indien de gebruiker er geen aangeeft.

Lever je programma in via BlackBoard in de vorm van een python-bestand genaamd **script6.py**.

Let hierbij op dat je code:

- ✓ op tijd wordt ingeleverd;
- ✓ zonder foutmeldingen uitvoerbaar is;
- ✓ de (verplichte) onderdelen van de opdracht correct en volledig verricht;
- ✓ liefst zo efficiënt mogelijk geïmplementeerd is;
- ✓ en, een netjes leesbare programmeerstijl gebruikt.