Documentação da Biblioteca Python Bioclass

Classe Principal

    class Bioprof:

    """Bioprof – Objeto para tratamento de genomas“””

def \_\_init\_\_(self):

Atributos da classe

 self.\_\_version\_\_ = "0.0x"

 self.id = "" #string que contém o nome(identificação da sequencia)

 self.ids = [] #Lista de id's das sequências.

 self.info ={} #Dicionario que armazena um comentário da sequência

 self.composicao\_total = [] #Totalização de nucleotídeos na sequência

 self.sequencia = [] # Lista string com sequencia de DNA,RNA ou Proteina

 self.alerta = True

 self.codons = {"UUU": "F", "UUC": "F", ...

self.blosum\_matrix = bl.BLOSUM(62) # Define a matriz blosum dentro

Métodos Públicos:

def leiaArquivoFasta(self,nome\_arquivo):  
 """ Lê todas as sequências de um arquivo Fasta """

def add\_seq(self,n1,n2,n3): #n1=id, n2=comentário, n3=sequencia  
 """Insere uma sequência através de código"""

def get\_seqs(self):  
 """Retorna a lista de sequencias registradas"""

def get\_info(self,arg):  
 """Retorna comentário da sequência"""

def get\_tamanho\_sequencia(self,arg):   
 """Soma a quantidade nucleotídeos ou aminoácidos de uma sequência"""

def get\_sequencia(self,id):  
 """ Retorna a sequência armazenada, podendo ser um DNA,RNA ou Proteína"""

def get\_tipo\_seq(self,id):  
 """Identifica uma sequência se é de DNA, RNA ou PROTEINA"""

def get\_percentual\_GC(self,arg):  
 """Retorna a percentual(%) de Guanina e Citosina na sequência."""

def insert\_comment(self,id,info):  
 """Armazena o comentário da sequência"""

def ver\_info\_seq(self,id):  
 """Exibe dados (relatório) de uma sequência"""

def dH(self,id1,id2):  
 """Distância de Hamming (dH) entre duas sequências de DNA ou RNA"""

def traduz\_rna2proteina(self,id):  
 “””Traduz os códons de nucleotídeos em aminoácidos”””

def transc\_dna2rna(self,id):  
 """Transcrição de uma sequência de DNA em um mRNA"""

def get\_kmers(self,id,k):  
 """Retorna uma lista de sequencias k da janela deslizante da sequência

def get\_assembly\_kmers(self):  
 """Assembly, monta um genoma a partir dos kmers “””

Desafio refazer! Aquí o método considera que mers estão em sequência

#--------------------------------------------------------------------------

#def matriz\_d(self, filename):  
 “””Alinhamento de sequência “””