

Atividade da disciplina TÓPICOS EMERGENTES EM BIOINFORMÁTICA I – Python

Utilizando o colab, o jupyter o python local, desenvolva:

1) Uma classe Python para ler sequências em formato Fasta, poderemos chamar essa classe de FastaReader. Precisamos de dois métodos, um para retornar a “próxima sequência” e permitir que seja lida uma sequência por vez e outro que leia “todas as sequências”.

2) Usando o pacote matplotlib (<https://matplotlib.org/>), faça uma função que calcule o GC Skew de uma sequência de nucleotídeo e outra para apresentar gráfica. Exemplo:

```
gc = gcskew(seq,tamJanela)
```

```
plotaGcSkew(gc)
```

3) Faça um programa que leia um arquivo multi-fasta e apresente as estatísticas:

a) número de sequências

b) tamanho mínimo, médio e máximo

c) frequência das bases (a,c,g,t e n) e o percentual gc.