

Esercitazione 2011-05-17: utilizzo delle principali classi della libreria BioJava

Riferimenti:

- Codici messi a disposizione sul sito ufficiale di BioJava:
<http://www.biojava.org/wiki/BioJava:CookBookLegacy> .
- Slides su BioJava del corso di Algoritmi e Linguaggi per Bioinformatica.
- Codici soluzione: i codici soluzione saranno rilasciati al termine della lezione sul sito del corso (www.albertocastellini.tk).

Esercizi:

1. Caricare il file Fasta ColiphagePhi-X174.fasta in un oggetto di tipo Sequence e calcolarne il gc-content. Stampare il nome, l'URN, la lunghezza, il gc-content della sequenza ed i suoi primi 10 ed ultimi 10 nucleotidi.
➔ Codice soluzione: progetto BioJava1Test, classe LoadFastaFile
2. Caricare il file GenBank sequence.gb del genoma Coliphage in un oggetto di tipo Sequence e calcolarne il gc-content. Stampare il nome, l'URN, la lunghezza, il gc-content della sequenza ed i suoi primi 10 ed ultimi 10 nucleotidi.
➔ Codice soluzione: progetto BioJava1Test, classe LoadGenBankFile
3. Generare una annotazione locale di tipo Location con min=3, max=8. Stampare l'oggetto Location. Generare la SymbolList rna gcagcuaggcggaaggagc. Generare la SymbolList relativa alla Location generata precedentemente (sottosequenza contenente i simboli in posizione 3-8 dell'rna).
➔ Codice soluzione: progetto BioJava1Test, classe SpecifyRanges
4. Caricare il file GenBank sequence.gb del genoma Coliphage in un oggetto di tipo Sequence. Stampare tutte le annotazioni (Annotation) della sequenza. Stampare tutte le annotazioni locali (Features) della sequenza facendo attenzione a stampare anche eventuali Features annidate. Creare un oggetto FeatureFilter in grado di selezionare solo le Feature di tipo CDS. Stampare solo le Feature di tipo CDS.
➔ Codice soluzione: progetto BioJava1Test, classe GenBankAnnotationFeature
5. Analizzare e testare i codici all'indirizzo
<http://www.biojava.org/wiki/BioJava:CookBookLegacy>