

## Esercitazioni 8 (Python) 11/01/2013

### Python e Biopython

Alberto Castellini

1. CICLO FOR, FUNZIONI, STRINGHE, LISTE e FUNZIONI: scrivere una funzione Python chiamata “concatena Dispari” (nome file concatenaDispari.py) che prenda in input una lista di n stringhe e restituisca in output una stringa contenente la concatenazione dei caratteri in posizione dispari di tutte le stringhe in input.
2. IMPLEMENTAZIONE DI FUNZIONI: Scrivere una funzione Python chiamata “firstStat” (nome file firstStat.py) che prenda in input un array di numeri e che restituisca in output:
  - a. la media dei valori contenuti nell’array,
  - b. la mediana dei valori contenuti nell’array,
  - c. la deviazione standard dei valori contenuti nell’array,
  - d. la varianza dei valori contenuti nell’array,
3. UTILIZZO DI LISTE COME CODE E PILE: testare i codici delle slide 70-72 del corso (slide Python).
4. UTILIZZO DI LISTE COME CODE E PILE: testare i codici delle slide 70-72 del corso (slide Python).
5. FUNZIONI FILTER, MAP E REDUCE: testare i codici delle slide 74-76 del corso (slide Python).
6. TUPLE: testare i codici delle slide 80 del corso (slide Python).
7. SETS: testare i codici delle slide 86-87 del corso (slide Python).
8. DIZIONARI: creare un dizionario contenente 10 nominativi e relativi numeri di telefono. Testare su tale dizionario i principali operatori descritti alle slide 91-93 del corso (slide Python).
9. SEQ: testare i codici delle slide 86-87 del corso (slide Python).
10. Scrivere una funzione denominata *analisiGenoma* che prenda in input una sequenza genomica e ne calcoli:
  - la frequenza ed il numero di nucleotidi per ciascuna base azotata,
  - il GC-content
  - la sequenza inversa
  - la sequenza complementare
  - la sequenza complementare inversa

- la sequenza tradotta in RNA
- la sequenza trascritta in proteina.

Implementare la funzione sia utilizzando la struttura dati stringa che la struttura Seq (con riferimento alle slide del corso su Biopython).