

Laboratorium 4: Sortowanie i BioPerl

Sortowanie

1. Napisz program, który sortuje słownikowo plik mieszanych słów angielskich i polskich z wielkimi i małymi literami na początku. Wykorzystaj operator `sort` oraz anonimową funkcję sortującą z operatorem `cmp` i napisami konwertowanymi na małe litery (`lc`). ([Słowa.txt](#)) (autor zadania Piotr Arłukowicz)
2. Wykorzystując transformację Schwartza zoptymalizuj kod programu z pkt. 1 w taki sposób, aby wywołanie polecenia `lc` odbywało się dla każdego słowa tylko raz. (autor zadania Piotr Arłukowicz)

BioPerl

1. Napisz program, który wczyta plik w formacie PDB i wypisze listę aminokwasów wraz z identyfikatorem łańcuch i liczbą atomów, dla każdego aminokwasu.
Przykładowy wynik:
D LYS-196 9
D LYS-197 9
D LYS-198 9
D CYS-199 6
D PRO-200 7
D ALA-201 5
(Użyj: `Bio::Structure::IO` i metod `new(-file => $file)`, `next_structure`, `get_chains`, `get_residues($chain)`, `get_atoms($res)`)
2. Napisz program, który pobierze sekwencje z GenBanku (po Accession number np. "j01673") i zapisze ją w pliku w formacie FASTa, EMBL i GenBanku.
(Użyj: `Bio::DB::GenBank`, `$db_obj->get_seq_by_acc()`, `Bio::SeqIO`)
3. Przerób program z punktu drugiego, tak by wypisał sekwencję białkową zamiast nukleotydowej (Użyj metody `translate`)