

3. Übung „Angewandte Bioinformatik mit Perl und R“

1. Schreiben Sie ein Perl-Modul, das die Funktionalität der Aufgaben aus der 2. Übung in einzelnen Subroutinen bietet. Es soll also Subroutinen für folgende Aufgaben geben:
 - Einlesen von FastA-Dateien mit Rückgabe einer Liste der Sequenzen (Strings),
 - Suchen eines Regulären Ausdrucks in den Sequenzen einer FastA-Datei mit Rückgabe der Fundstellen (Nummer der Sequenz, Position innerhalb der Sequenz) als Liste,
 - Transkribieren einer DNA-Sequenz mit Rückgabe der entsprechenden und der revers-komplementären RNA Sequenz,
 - Translation einer RNA-Sequenz (optional: ab Start-Codon, bis zum ersten Stop-Codon).

Schreiben Sie Ihre Subroutinen so, dass die Argumente der Subroutine geprüft und gegebenenfalls Fehlermeldungen ausgegeben werden. (5 Punkte)

2. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das die Funktionen des Moduls aus Aufgabe 1 nutzt. (2 Punkte)