Bio::Seq

Konstruktor für neue Sequenzen:

Bio::Seq->new(<args>);

Argumente:

- -seq: die Sequenz
- -alphabet: dna, rna oder protein
- -description: Beschreibung zur Sequenz
- -accession_number: die Nummer der Sequenz

...und weitere mögliche Argumente.
Beispiel:

$seq = Bio::Seq->new(-seq => 'ACGT', -alphabet => 'dna');

Bio::Seq (2)

Methoden:

- seq(): Sequenz als String
- **length**(): Länge der Sequenz
- subseq(start ,end): Subsequenz von start (ab 1) bis end (inklusive) (String)
- revcom(): Das reverse Komplement als Bio::Seq-Objekt
- translate (): Proteinsequenz (Bio::Seq) aus Translation, optionale Argumente:
  - −complete: Translatierte Sequenz inklusive Start-, Stop-Codon (0 oder 1)
  - −orf: Translationsstart ab erstem Start-Codon (0 oder 1)

  Beispiel: $prot = $seq−>translate(−complete => 1, −orf => 1);

Bio::SeqIO

Konstruktor:

Bio::SeqIO->new(<args>)

Argumente:

- -file: Pfad zur Datei, wie bei **open**()
- -**format**: Dateiformat:
  - Genbank
  - Fasta
  - EMBL
  - ...

Bio::SeqIO (2)

Konstruktor für Filehandle:

Bio::SeqIO->newFh(<args>)

- Argumente wie bei Bio::SeqIO->new().
- Erzeugt Filehandle.

Beispiel:

```
$in = Bio::SeqIO->newFh(-file => 'file.fasta', -format => 'Fasta');
while(my $seq = <$in>){
    print $seq->seq()."\n";
}
```

Bio::SeqIO (3)

Methoden (Objekte mit Bio::SeqIO->new() erzeugt):

- next_seq(): Gibt nächste Sequenz zurück (Bio::Seq)
- write_seq(Bio::Seq): Schreibt Sequenz (Bio::Seq) in angegebene Datei

Beispiele:

```
$in = Bio::SeqIO->new(-file => "Beispiel.fasta", -format => "Fasta");
$seq = $in->next_seq();

$seq2 = Bio::Seq->new(-seq => 'ACGT', -alphabet => 'dna');
$out = Bio::SeqIO->new(-file => ">out.fasta", -format => "Fasta");
$out->write_seq($seq2);
```

Bio::Tools:SeqStats

Klasse für Sequenzstatistiken.
Konstruktor:

Bio::Tools::SeqStats->new(-seq => $seq)

Methoden:

- count_monomers(): Anzahl der Monomere (Hash-Referenz)
- count_codons(): Anzahl der Codons (Hash-Referenz)
- get_mol_wt(): Molekulares Gewicht der Sequenz (Einzelstrang)
  (Array-Referenz, [0]: Untere Schranke, [1]: Obere Schranke)