

## 5. Übung „Angewandte Bioinformatik mit Perl und R“

1. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das die Funktionalität von `Bio::Seq` nutzt, um dem Nutzer folgende Funktionalität zu bieten:
  - Bestimmung des reversen Komplements einer DNA-Sequenz (1 Punkt)
  - Translation einer gegebenen DNA-Sequenz, optional ab dem ersten Stop-Codon und optional mit Ausgabe des Start- und Endzeichens (1 Punkt)
2. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das `Bio::SeqIO` nutzt, um die Sequenzen einer FastA-Datei einzulesen und diese nach Wahl des Nutzers entweder im EMBL-Format oder im Genbank-Format in eine neue Datei schreibt. (4 Punkte)
3. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das für die DNA-Sequenzen einer gegebenen FastA-Datei die folgenden Statistiken berechnet:
  - die Häufigkeit des Auftretens der einzelnen Nukleotide je Sequenz
  - die Häufigkeit des Auftretens der einzelnen Codons.

Nutzen Sie für die Erstellung der Statistik die Klasse `Bio::Tools::SeqStats`.

Wenden Sie Ihr Skript auf die Datei `genseq.fasta` von der Seite zur Übung an. Was beobachten Sie bezüglich der Verteilung der einzelnen Nukleotide? Was fällt Ihnen bei der Häufigkeit der einzelnen Codons auf? (4 Punkte)