



EJERCICIO TEMA 4

Alumno:

Realiza las distintas actividades de abajo copiando debajo de cada actividad los comandos que hay que escribir en R. Finalmente, convierte este documento a PDF y entrégalo a través del moodle. Utiliza el marco de datos que has creado durante el ejercicio 3 y que contiene el nombre de cuatro genes, el tamaño total del CDS, el tamaño en aminoácidos y la hebra de cada gen.

1.- Crea un bloque de ejecución condicional que, dado el nombre de un gen en la variable X, imprima el nombre del gen solo si el tamaño total del CDS es mayor que 1200.

2.- Crea un bloque de ejecución condicional que, dado el nombre de un gen en la variable X, imprima en pantalla si el gen está en la hebra Forward o en la hebra Reverse.

3.- Crea un bloque de ejecución en bucle (FOR) que interactúe sobre el vector con el nombre de los genes y que imprima en pantalla, el nombre del gen seguido del tamaño de aminoácidos.

4.- Crea un bloque de ejecución en bucle (FOR) que interactúe sobre el vector con el nombre de los genes y que imprima en pantalla, el tamaño total del CDS si el gen está en la hebra forward y el número de aminoácidos si el gen está en la hebra reverse.

5.- Completa el script “traducir_incompleto.R” de la carpeta del Tema4 para que lea una secuencia de nucleótidos en formato FASTA e imprima la traducción en aminoácidos también en un archivo formato FASTA de acuerdo a la traducción de codones contenida en el archivo “Codons.csv” que contiene la misma carpeta. Funciones que vas a necesitar: substring, paste, readLines, write.

6.- Crea una función personalizada denominada Traducir que acepte como parámetros un archivo de secuencias de nucleótidos tipo fasta, el marco de datos de la codificación de aminoácidos y un nombre para el archivo de salida. Esta función debe leer el archivo, traducir la secuencia de nucleótidos a aminoácidos e imprimir el resultado en otro archivo fasta.