

Exercice 1

- Démarrer R
- Charger Biostrings
- Charger BSgenome
- Utiliser la fonction `available.genomes` pour voir la liste des génomes disponibles
- Charger `BSgenome.Celegans.UCSC.cse2`

Exercice 2

- Afficher le chromosome I de *Caenorhabditis elegans*
- Utiliser `length` et `alphabetFrequency` sur ce chromosome
- Extraire une sous-séquence arbitraire du chromosome
- Retourner la séquence complémentaire inversée du chromosome

Exercice 3

- Charger `drosophila2probe`
- Afficher les 5 premières séquences stockées dans l'objet `drosophila2probe`
- Stocker toutes les séquences dans un `DNASTringSet` appelé `dict0`
- Utiliser `length` et `alphabetFrequency` sur `dict0`
- Extraire le second élément de `dict0`
- Inverser l'ordre de ses éléments
- Extraire le premier élément dans un objet `DNASTring`
- Utiliser `DNASTringSet` pour
 - Retirer les 2 derniers nucléotides de chaque séquence
 - Conserver uniquement les 10 derniers nucléotides de chaque séquence
- Utiliser `alphabetFrequency` sur `dict0` et son complémentaire inversé
- Recommencer le point précédent avec l'option `collapse=TRUE`
- Combien de séquences de `dict0` ont un GC-content plus grand que 80%?
- Quel est le GC-content pour l'ensemble des séquences?

Exercice 4

- Utiliser la fonction `views` pour créer un objet `XStringViews` sur le chromosome I du ver de telle sorte que certaines vues se chevauchent mais qu'ensemble elles ne couvrent pas l'entièreté du génome
- Appliquer les fonctions `subject`, `start`, `end`, `gaps` et `alphabetFrequency` sur cet objet
- Changer les vues en un objet `DNASet`

Exercice 5

- Charger `Bsgenome.Dmelanogaster.UCSC.dm3`
- Stocker son chromosome II dans la variable `chr2L`
- Supprimer les masques définis sur ce chromosome

Exercice 6

- Trouver toutes les occurrences de "TTACCGATTTC" dans le chromosome I du ver
- Trouver les memes occurrences dans brin complémentaire du chromosome I (rem: prendre le complément inverse d'une séquence peut etre couteux, y aurait-il une alternative?)
- Utiliser `max.mismatch` pour trouver toutes les occurrences dans le chromosome I qui ont au plus 1 nucléotide qui ne correspond pas à la séquence