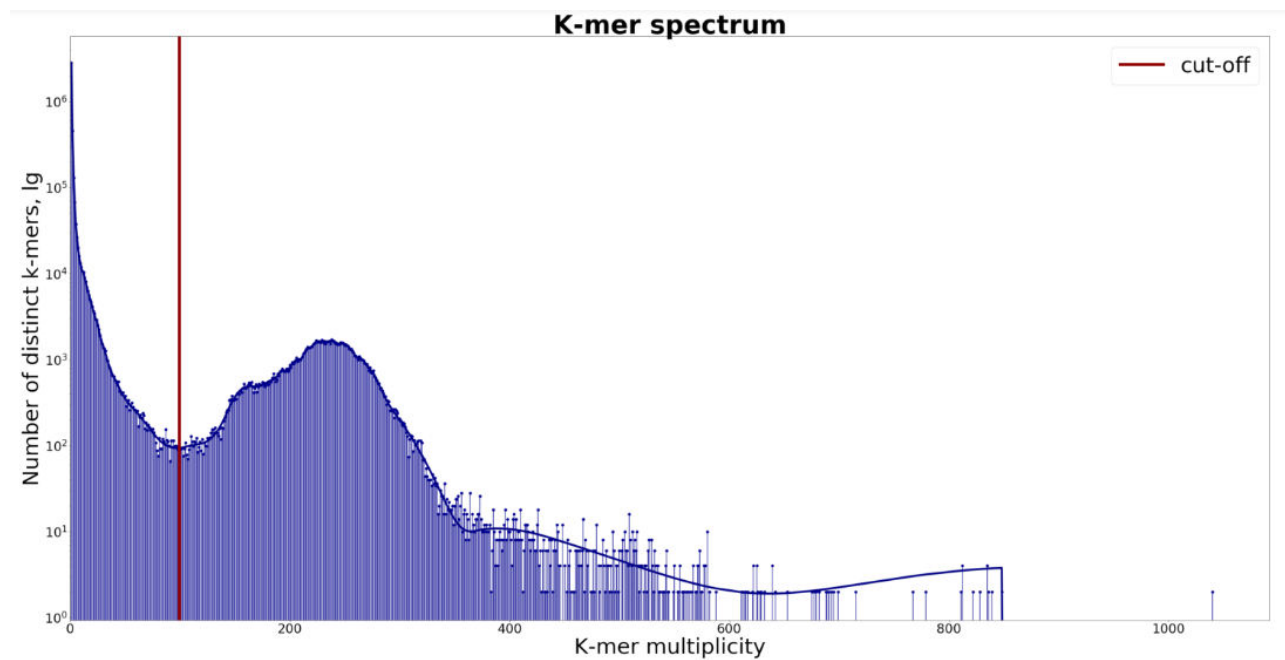


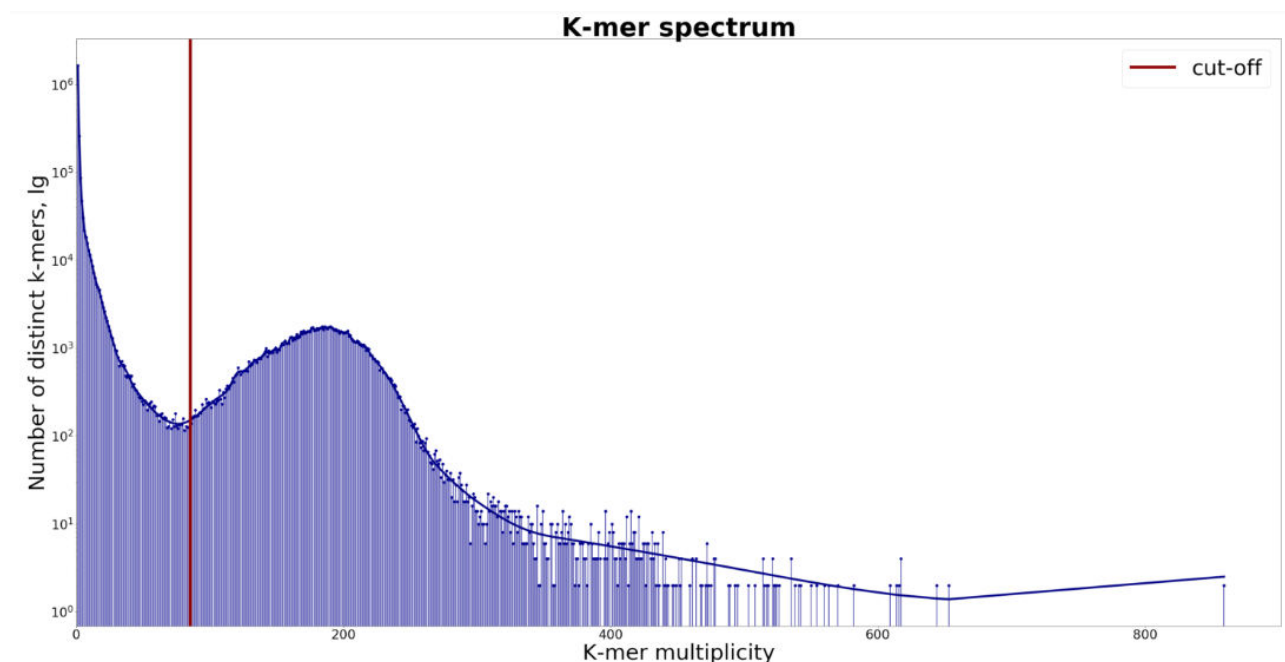
На моем ноутбуке не удалось обработать файл test_kmer.fastq, поэтому проанализированы данные из файла test_kmer1.fastq, представляющего собой примерно 75% от ридов, содержащихся в test_kmer.fastq.

Спектр k-меров, построенный без отсечки по качеству:



Genome size is 189379.988701 bp

С отсечкой по качеству, равной 30:



Genome size is 205065.890625 bp

Также из картины спектра k-меров можно сделать вывод о том, что секвенируемый организм является гаплоидным.