

Análisis de una secuencia (Task 1)

Alex-Alex-Helena

13 oktober, 2021

Este es el primer análisis dinámico de una secuencia.

El fichero de entrada es cualquier secuencia con formato fasta con un tamaño máximo de la secuencia de una línea. Por tanto, el fichero fasta ocupa siempre dos líneas.

La secuencia leída del fichero **gi32141095_N_0.fa** es:

```
#> gi|32141095:c685095-684409 Streptomyces coelicolor A3(2) chromosome, complete genome (trozo)
#> "ATGACTTGTCATGATCGCGCCAAAATTCAACTCGCCGGAAGGGCCGACGGGCGACGACCCTCGTCCTCA"
```

La longitud de la secuencia es de 70 bases. Están repartidas como:

- **Adeninas** (A): 16
- **Citosinas** (C): 24
- **Guaninas** (G): 18
- **Timinas** (T): 12