

em algorithm Doc

실행 방법

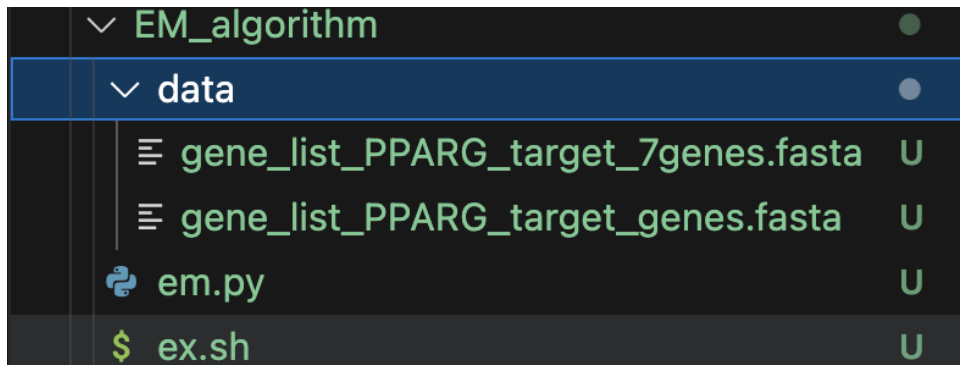
```
python3 em.py [gene file 경로] [motif 길이]
```

또는 예시 실행 파일인 'ex.sh' 파일을 다음과 같은 명령어로 실행하면

```
./ex.sh
```

'gene_list_PPARG_target_genes.fasta'에서 11 mer를 찾는 프로그램이 실행됩니다.

실행 예시



▼	EM_algorithm	●
▼	data	●
≡	gene_list_PPARG_target_7genes.fasta	U
≡	gene_list_PPARG_target_genes.fasta	U
🔗	em.py	U
\$	ex.sh	U

위와 같은 파일 구조에서 'EM_algorithm' 디렉토리에서

```
python3 em.py ./data/gene_list_PPARG_target_genes.fasta 13
```

위의 명령어를 입력

실행 결과

[illegible]

```
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTTTGCCTCAT
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCGG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTA
CCTCTCCTCCTG
CCTCCCCCCCCAA
CCTCAGCCTCCCA
CCTCAGCCTCCCG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCTGCCCCCTA
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCCA
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCCCCCTCCAG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
CCTCAGCCTCCTG
[INFO]: Total iteration: 10
[INFO]: Total execution time: 218.40426325798035
(base) sejeong@kimsejeongui-MacBookPro EM_algorithm %
```