

파일명 "문제.ipynb"는 글자 복사가 가능하니, 그 파일을 확인해주세요

* 주피터노트북 또는 **colab** 사용이 어려운 분들은

- 1~3번까지는 코드를 안돌리는 대신에, 화면에 출력될 답을

- 4~10번까지는 결과없이 바이오파이썬 명령어(코드)만 보내도 됩니다.

* 어떤 형식로든 상관없이 답을 보내면 됩니다.

- 메일로 직접, 워드, 메모장, MS word, 캡처,

- 주피터노트북 download as (html), colab downlaod (ipynb)

* 보낼곳

이제선선생님(je0072@korea.kr)

이진옥(jinoklee.01@gmail.com)

```
In [2]: # 문제 1. 아래 코드를 출력한 결과를 보여주세요.  
# 자료형 : 문자열 (str)
```

Met="ATG"
Trp="TGG" * 10
His="CAT"

```
seq = Met+Trp+His
print(seq)
```

ATGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGCAT

```
In [9]: # 문제 2. 아래 코드를 출력한 결과를 보여주세요.
        #if-elif-else 조건문 (단순조건) 이용하여 파이썬으로 상보적 서열만들기
```

```
seq="AGTTTATAGCACGTACGTACTTAACG"  
new_seq=""
```

```
for s in seq:
    if s == "A":
        new_seq += "T"
    elif s == "C":
        new_seq += "G"
    elif s == "G":
        new_seq += "C"
    elif s == "T":
        new_seq += "A"
```

```
print("서열:", seq)
print("상보적 서열:", new_seq)
```

서열: AGTTTATAGCACGTACGTAACG
상보적 서열: TCAAATATCGTGCAGTGCATGAATTGC

```
In [ ]: # 문제 3. 아래 코드를 출력한 결과를 보여주세요.
        # dic을 이용하여 파이썬으로 서열 만들기
```

```
seq = "AGTTTATAGCCGATCATCGAC"
comp_dic = {'A':'T', 'C':'G', 'G':'C', 'T':'A'}
como_seq = ""
```

```
for s in seq:
    comp_seq += comp_dic[s]
```

```
revcomp_seq = comp_seq[::-1]
```

```
print("서열:", seq)
print("상보적 서열:", comp_seq)
print("역상보적 서열", revcomp_seq)
```

```
In [ ]: from Bio.Seq import Seq
seq = Seq("TTCCACAACATTCCACCAAGCTCTGCAGGATCCCAGAGTAAGAGGCGCTGTATTTTCTGCTGGTGGCTCCAGTTCGGAACAGTGAACCCGTGTTCCGACTACTGCCTCACTC")
```

```
#문제 4. seq 연기서열중 연기 A 의 개수는?  
# 힌트 : print(seq.?( "A"))
```

```
#문제 5. seq 연기사열의 총 개수는?  
# 힌트 : print(len())
```

```
#문제 6. seq 연기사열의 상보적 서열은?  
#힌트 : print(seq.?( ))
```

```
#문제 7. seq 염기서열의 RNA 서열은?  
# 힌트 : print(seq.?)()
```

```
#문제 8. seq 염기서열의 아미노산 서열은 ?  
# 힌트 : print(seq.?)()
```

```
from Bio.SeqUtils import GC  
#문제 9. seq 염기서열의 GC 함량 은 몇 % 인가?
```

```
from Bio.SeqUtils import MeltingTemp as mt  
#문제 10: seq 염기서열의 Tm 값은 ?
```