

* 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 downloaod (ipynb)**

* 보낼곳

이제선선생님(je0072@korea.kr)

이진옥(jinoklee.01@gmail.com)

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

```
Met="ATG"  
Trp="TGG" *10  
His="CAT"  
  
seq = Met+Trp+His  
print(seq)
```

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

```
seq="AGTTTATAGCACGTCACGTACTTAACG"  
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)
```

```
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("TTCACAACATTCCACCAAGCTCTGCAGGATCCCAGAGTAAGAGGCCGTGATTTTCCTGCTGGTCCAGTCCGGAACAGTGAACCCTGTTCCGACTACTGCCTCACTC")
```

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

```
#문제 5. seq의 서열길이(총 염기서열)의 개수는?  
# 힌트 : print(len())
```

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

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

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

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

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