|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 생물정보학 | | | | | |
| 학번 | 2018023390 | **이름** | 이서연 | **제출일** | 2021.09.09 |

1. **프로그램 실행 환경**
   1. OS : macOS BigSur (11.2.3)
   2. IDE : Visual studio code
   3. Python : Python 2.7.16
2. **Source code 및 Code description**

텍스트이(가) 표시된 사진

자동 생성된 설명

Reverse complementary sequence를 얻을 때 string module의 .maketrans()와 .translate() method를 사용하기 때문에 초반에 string을 import 시켰다. Codon table은 수업시간에 제공된 것을 사용했고, 주어진 dna sequence에서 상보적인 RNA sequence를 바로 사용할 것이기 때문에 ‘ATGC’ 🡪 ‘UACG’로 .maketrans() method를 적용하였다.

이후 주어진 부분 까지를 slicing 및 concat 한 후 순서를 반전시키고 .translate() method 를 이용해 rna sequence를 도출해냈다. Amino acid sequence는 빈 string (‘’)을 가진 aminoacid\_seq이라는 변수를 만들고 for loop을 iteration 하면서 rna\_seq 을 length 3씩 slicing 하여 해당하는 value 값, 즉 amino acid 정보를 concat 하는 식으로 얻었다.

1. **결과 화면**

