

# ゲノム情報解析基礎（2019年4月22日）課題（提出期限2019年5月13日）

受講 ID (5桁) : \_\_\_\_\_

学生証番号 (ない人は空欄で可) : \_\_\_\_\_

名前 : \_\_\_\_\_

課題 1 : **hoge8.fa** を入力として、下記 3 つの解析結果を示せ。

1. 全配列長 (配列長の総和; Total length) :
2. N50 の値 (N50 value) :
3. 全配列をまとめた GC 含量 :

```
>contig_1                                     hoge8.fa
CACGTTGCATAT
>contig_2
NAGACAGCTCAACAAC
>contig_3
GTCTGCCTCAAGCGAAACAAGTGGAAATTGGAGGCCTAACATCGCAAGTCG
ACACTCAGTCCGGNNGTCTGGTAAGCAGGGGCAGANNCCCAGCACACCT
>contig_4
CGTGCTGATANAACACAGCAGTAAACGCGGACCTCTACCTATGAACA
>contig_5
AGTGCTGATTCCACACAGCAGTAAACGCGGACCTCTACCTATG
>contig_6
AANNCGTTNGCAGNANACNNTG
>contig_7
TGTAGGAGAAGAAAGGTATCAGCGTCCACTTACACGATCCGTTACTAATT
GTATGAGGTCNNGCA
```

課題 2 : Biostrings パッケージが提供する translate 以外の関数を 1 つ挙げ、簡単に説明せよ。

関数名 :

概要説明 :

課題 3 : Bioconductor が提供するパッケージ群を眺め、有用だと思った Biostrings 以外のパッケージを 1 つ挙げ、その概要を簡単に説明せよ。ゲノム情報解析と無関係のパッケージでもよいが、ver. 3.8 のリリースに含まれる 1649 パッケージの中から選んでください。

パッケージ名 :

概要説明 :

感想やコメントなど (optional) :