

Solexa paired end sequence data를 이용한 contig assembly

다음의 사항들을 포함하여 결과보고 리포트를 작성하시오

1. Assembly 결과

VELVET에 의한 assembly

- K mer의 수를 6가지 이상 다양하게 설정하여 나온 결과 (contig 수, Contig 들의 길이의 총합, N50)를 표로 만들어 제출. K 값은 17 ~ 95 까지의 수로 홀수로 설정 가능 (61 을 중심으로 설정)

2. K mer 선택: 본인의 데이터로부터 실시한 분석들 중 실제 어떤 결과를 사용할 것인지는 가장 contig수가 적고 각각의 contig의 길이가 긴 best assembly를 선택

3. Reference sequence와 assemble

best assembly의 contig들 (contigs.fa에 저장)을 sequencer로 Liriodendron의 cpDNA (amborella 웹사이트에 있음)과 assemble 하여 assemble된 화면을 사진찍어 제출

4. Coverage 계산

assemble 한 것이 reference sequencer인 Liriodendron의 몇 %를 cover 했는지 계산하여 제출.

제출기간: 12월 16일 까지 리포트형식의 한 개의 파일로 만들어 adanson2000@gmail.com 으로 보낼것 (제목에 반드시 학번, 이름 기입).