

Lista 10

Python: podstawy wizualizacji danych

1. Wczytaj dane organelles, zawierającą informację na temat sekwencji genomów plastydów i mitochondriów zdeponowanych w bazie GenBank, następnie usuń znaki specjalne występujące w nagłówkach.
2. Na podstawie kolumny Organism Groups, stwórz trzy nowe kolumny: domain, kingdom i class.
3. Usuń kolumnę Organism Groups, a następnie zmień kolejność kolumn, tak aby kolumny utworzone w punkcie b. tak aby znajdowały się one zaraz po nazwie organizmu.
4. Używając seaborn stwórz wykres, który zobrazuje średnią wielkość organizmu dla każdego królestwa.
5. Stwórz wykres, który zobrazuje rozkład zawartości par GC w analizowanych danych, dodaj tytuł i opisu osi.
6. Stwórz wykres, który zobrazuje związek pomiędzy liczbą sekwencji genów i pseudogenów zdeponowanych z bazy.
7. Stwórz wykres, który zobrazuje wielkość genomów w każdym z królestw. Co zrobić, aby wykres był bardziej czytelny.
8. Odtwórz poniższy wykres:

