

Programmierung in der Bioinformatik
Wintersemester 2013
Übungen zur Vorlesung: Ausgabe am 09.12.2013

Aufgabe 9.1 Ruby hat eine recht freundliche Konvention für Bezeichner. Die Konventionen wurden in der Vorlesung besprochen. Wenn Sie einen Editor mit Syntax-Highlighting benutzen, wird dieser die verschiedenen Formen der Bezeichner unterscheiden können.

Identifizieren Sie in der Datei `varnames.rb` die Bezeichner und korrigieren Sie diese. Achten Sie dabei auch auf Konventionen der Schreibweise, die nicht von Ruby vorgegeben sind, also z.B. die Verwendung von MixedCase (auch CamelCase) oder Unterstrichen.

Aufgabe 9.2 Implementieren Sie ein Ruby-Programm `backwards.rb`, das entweder eine Datei mit dem Namen `testfile` oder Dateien deren Name auf der Komandozeile übergeben wurden einliest und die Zeilen in dieser/n Datei(en) in umgekehrter Reihenfolge und rückwärts wieder ausgibt. Schauen Sie sich dazu an, welche Methoden Objekte der Klassen `File` und `Array` zur Verfügung stellen.

Sie können `ARGF` zum Lesen der Dateien verwenden, wenn Parameter übergeben wurden. Die Methode `String.chomp` könnte Ihnen auch helfen.

Ein Beispiel:

input:

```
dies ist Zeile 1  
dies ist Zeile 2
```

output:

```
2 elieZ tsi seid  
1 elieZ tsi seid
```

Die Ausgabe entspricht der Kombination der Linux-Kommandos: `tac <datei> | rev`

Aufgabe 9.3 Implementieren Sie zwei verschiedene Ruby-Programme, die bei Eingabe zweier positiver ganzer Zahlen m und n die folgende Summe berechnen und ausgeben:

$$\sum_{i=m}^n i$$

Falls $m > n$, dann ist diese Summe 0. Falls $m = 0$, dann gilt die folgende Gleichung, die als „Gaußsche Summenformel“ bekannt ist.

$$\sum_{i=0}^n i = \frac{n \cdot (n + 1)}{2}$$

Das erste Programm soll die Lösung iterativ in einer Laufzeit proportional zur Größe des Intervalls $[n..m]$ berechnen. Das zweite Programm soll die oben angegebene Formel benutzen und die Summe in konstanter Zeit berechnen.

Was passiert, wenn das Intervall $[n..m]$ sehr groß wird?

Aufgabe 94 Implementieren Sie ein Ruby-Programm `chardistribution.rb`, das eine Datei einliest, und für alle Zeichen (außer `newline`) die Anzahl der Vorkommen dieses Zeichens ausgibt, sowie die relative Häufigkeit des Vorkommens dieses Zeichens. Zusätzlich soll Ihr Programm noch die Anzahl der Zeichen (außer `newline`) insgesamt ausgeben sowie die Anzahl der Zeilen. Beachten Sie, dass Ihr Programm beliebige ASCII-Zeichen verarbeiten soll (und nur diese zu verarbeiten braucht). Wenden Sie Ihr Programm auf die beiden Dateien `ecoli.fna` und `swiss` aus dem Verzeichnis </projects/lehre/programming/data> an.

Die Lösungen zu diesen Aufgaben werden am 06.01.2014 besprochen.