

Zadanie 1 – Algorytmika – programowanie

Rozwiąż zdania. Dane do zadania znajdują się z pliku: sekwencje.txt.

Wszystkie wymagane pliki spakuj do archiwum **Zadanie_1.zip** i dołącz jako załącznik do e-mail wysłanego z adresu podanego w zgłoszeniu do konkursu na adres: rki@liceum-jarocin.pl

Temat listu: Imię i nazwisko - Zadanie 1.

UWAGA! E-mail należy wysłać do godziny 15:30! Plik nadesłany po tej godzinie nie będzie oceniany.

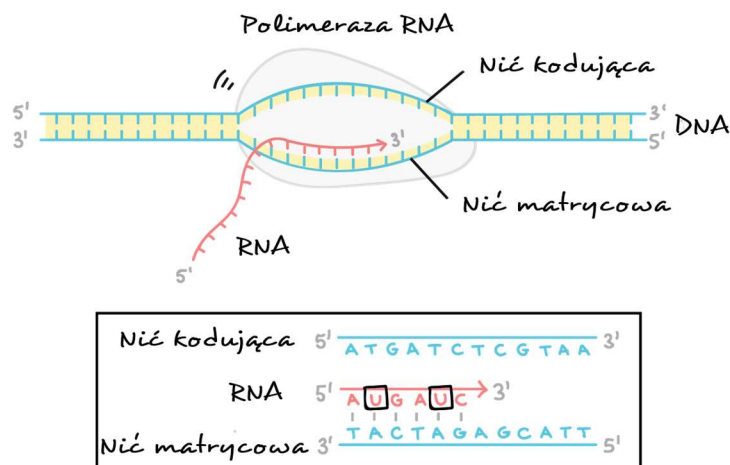
Cząsteczka DNA zbudowana jest z dwóch nici, które są równo od siebie odległe i wspólnie spiralnie skręcone, dlatego przybiera kształt linii śrubowej, czyli helisy. Nici te to: **nić matrycowa** i **nić kodująca**. DNA składa się z nukleotydów: A, C, G, T. Zasady (nukleotydy) A i T oraz C i G są komplementarne tzn. łączą się ze sobą. **Nić matrycowa** jest transkrybowana na **mRNA (matryca)**.

W uproszczony sposób, jeżeli mamy podaną jedną nić DNA, np. **nić matrycową**, to możemy wyznaczyć dla niej **nić kodującą**, zmieniając w **nici matrycowej** nukleotydy: **A->T, T->A, C->G, G->C**.

W taki sam sposób otrzymujemy z nici kodującej nić matrycową (zamieniając **A->T, T->A, C->G, G->C**).

Z nici **kodującej** możemy otrzymać RNA zamieniając w niej litery **T->U**.

Uwaga! Przeprowadzając proces odwrotny możemy uzyskać z RNA nić matrycową.



Wniosek! Sekwencja DNA składa się w nukleotydów : **A, C, G, T** o dowolnej długości. RNA składa się z nukleotydów: **A, C, G, U** o dowolnej długości. Odpowiadające RNA i DNA są tej samej długości.

Przykład:

Nić kodująca:	ATCTAG
	↓↓↓↓↓↓
Nić matrycowa:	TAGATC
	↓↓↓↓↓↓
RNA:	AUCUAG

Mając w treści zadania nić matrycową „TAGATC”

Zamieniając A<->T C<->G otrzymujemy nić kodującą: „ATCTAG”

Następnie zamieniając w nici kodującej T->U otrzymujemy RNA: „AUCUAG”.

Pliku sekwencje.txt zawiera 1000 łańcuchów znaków, tylko niektóre z nich są sekwencjami DNA (nić matrycową) i RNA. Każdy łańcuch jest podany w nowej linii.

Wykonaj w wybranym języku programowania (C++, Python, Pascal) zadania:

1.1 (0-1 pkt.) – Wczytaj zawartość pliku sekwencje.txt.

1.2 (0-3 pkt.) – Przeanalizuj dane i

- do pliku nic_matrycowa.txt zapisz sekwencje DNA (łańcuchy znaków zawierających wyłącznie litery A,C,T,G),
- do pliku rna.txt zapisz sekwencje RNA (łańcuchy znaków zawierających wyłącznie litery A,C,U,G),
- dodatkowo w pliku wyniki_zad1.txt zapisz ilość znalezionych sekwencji w postaci:
„Liczba znalezionych sekwencji DNA wynosi.....
Liczba znalezionych sekwencji RNA wynosi.....”

1.3 (0-3 pkt.) – Dla zapisanych sekwencji DNA (nici matrycowej) z pliku nic_matrycowa.txt wygeneruj odpowiadające im sekwencje RNA i zapisz je w pliku rna_nowe.txt.

1.4 (0-3 pkt.) – Dla zapisanych sekwencji RNA z pliku rna.txt wygeneruj odpowiadające im sekwencje DNA (nić matrycową) i zapisz je w pliku dna_nowe.txt.

Dla pierwszych 10 linii sekwencje.txt mamy następujące zawartości plików z odpowiedziami:

- plik wyniki_zad1.txt:
„Liczba znalezionych sekwencji DNA wynosi 3
Liczba znalezionych sekwencji RNA wynosi 3.”
- w pliku nic_matrycowa.txt:
TGGTTAGTC
TGTCTTTTTTTATAG
TGAGATCACTT
- plik rna_nowe.txt:
ACCAAUCAG
ACAGAAAAAAUAUC

ACUCUAGUGAA

- w pliku rna.txt:

UUUAUUUUUAUUUUAGA

GGAGUUGUCCCUAGUGCU

GCAGUGUUGACCUUGU

- plik dna_nowe.txt:

AAATAAAATAAAATCT

CCTCAACAAGGGATCACGA

CGTCACAACCTGGAACA

W rozwiązaniu powinny się znaleźć pliki:

- plik z kodem źródłowym (bez pliku wykonywalnego)
- wyniki_zad1.txt
- nic_matrycowa.txt
- rna.txt
- dna_nowe.txt
- rna_nowe.txt