Брянцев Всеволод Александрович

ПММ, 4 курс, 61 группа

Отчет по лабораторной работе №6

Вариант 4.

Задание 1.

В базе данных GenBank найти нуклеотидные последовательности в формате Fasta в соответствии с вариантом.

4. Human T-lymphotropic virus 3 (Т-лимфотропный вирус человека 3 типа), Simian T-lymphotropic virus 3 (Т-лимфотропной вирус обезьян)

>KY493191.1 Human T-lymphotropic virus 3 isolate NKO39 gag protein gene, partial cds

CGATCACCTCTCTGTATCTGCCCTTCCCTAATCAGAACCATGGGAAAGACTTATAGCTCTCCGGTAAACC

CTATCCCCAAAGCCCCAAAAGGGCTAGCAATTCACCACTGGCTAAACTTTCTCCAAGCCGCGTACCGACT

GCAGCCAGGGCCCTCTGAATTTGACTTCCATCAGTTACGGAAGTTCCTAAAACTAGCCATCAAGACCCCG

GTGTGGTTAAATCCCATTAATTACTCTGTCCTTGCCGAGCTCATTCCCAAGAACTACCCGGGCAGGGTCC

ATGAAATAGTAGCCATCCTAATTCAAGAGACCCCTGCGCGCGAGGCGCCCCCATCGGCCCCACCAGCAGA

TGACCCTCAAAAAGCCTCCACCCTACCCCGAGCATGCACAGGTAGAACCTCAGTGCCTCCCTTCAC

CCTCACGGGGCCCCAGCCACTCACCCCCCCCT

>EU152290.1 Simian T-lymphotropic virus 3 strain Cag9748NL tax protein (tax) gene, partial cds CTACGGGTACCCTGTCTACGTTTTCGGCGACTGTGTACAGGCCGATTGGTGCCCCATTTCTGGGGGGGCTT TGTTCCGCTCGGCTACACCGCCATGCCTTGCTGGCCACGTGCCCCGAACATCAGATTACCTGGGACCCCA TCGATGGACGCGTTGTCAGCTCAGACTACAATA

Задание 2.

Написать программу поиска наиболее часто встречающегося k-мера в строке, k каждый раз вводится любое, меньшее длины строки. Тестовую последовательность для примера брать из Задания 1. Вывести наиболее часто встречающуюся строку длины 7.

Код программы:

```
import 'dart:io';

Future<String> readFile(String filePath) async {
  return await File(filePath).readAsString();
```

```
List<MapEntry<String, int>> frequentWords(String str, int k) {
  Map<String, int> kmerCounts = {};
  int maxCount = 0;
  for (int i = 0; i \leftarrow str.length - k; i++) {
   String kmer = str.substring(i, i + k);
    kmerCounts[kmer] = (kmerCounts[kmer] ?? 0) + 1;
    maxCount = maxCount > kmerCounts[kmer]! ? maxCount : kmerCounts[kmer]!;
  return kmerCounts.entries.where((entry) => entry.value == maxCount).toList();
Future<void> main() async {
  String text1 = await readFile('bin\\input1.txt');
  String text2 = await readFile('bin\\input2.txt');
  stdout.write("Введите значение k: ");
  int k = int.parse(stdin.readLineSync()!);
  List<MapEntry<String, int>> result1 = frequentWords(text1, k);
  List<MapEntry<String, int>> result2 = frequentWords(text2, k);
  print("\nHaиболее частые $k-меры в первой последовательности:");
  if (result1.isNotEmpty) {
    print("Количество вхождений: ${result1[0].value}");
    for (var entry in result1) {
      print(entry.key);
  print("\nНаиболее частые $k-меры во второй последовательности:");
  if (result2.isNotEmpty) {
    print("Количество вхождений: ${result2[0].value}");
    for (var entry in result2) {
      print(entry.key);
    }
```

Две найденные в Задании 1 последовательности содержатся в файлах input1 и input2: input1:

CGATCACCTCTCTGTATCTGCCCTTCCCTAATCAGAACCATGGGAAAGACTTATAGCTCTCCGGTAAACCCTA
TCCCCAAAGCCCCAAAAGGGCTAGCAATTCACCACTGGCTAAACTTTCTCCAAGCCGCGTACCGACTGCA
GCCAGGGCCCTCTGAATTTGACTTCCATCAGTTACGGAAGTTCCTAAAACTAGCCATCAAGACCCCGGTGT

GGTTAAATCCCATTAATTACTCTGTCCTTGCCGAGCTCATTCCCAAGAACTACCCGGGCAGGGTCCATGAAA
TAGTAGCCATCCTAATTCAAGAGACCCCTGCGCGCGAGGCGCCCCCATCGGCCCCACCAGCAGATGACCCT
CAAAAGCCTCCACCCTACCCCGAGCATGCACAGGTAGAACCTCAGTGCCTCCCTGTCCTTCACCCTCACGG
GGCCCCAGCCACTCACCGCCCCT

input2:

CTACGGGTACCCTGTCTACGTTTTCGGCGACTGTGTACAGGCCGATTGGTGCCCCATTTCTGGGGGGGCTTTGTCCGCTCGGCTACACCGCCATGCCTTGCTGGCCACGTGCCCCGAACATCAGATTACCTGGGACCCCATCGATGGACGCGTTGTCAGCTCAGCTCTACAATA

Результат:

Для k = 4:

```
Введите значение k: 4

Наиболее частые 4-меры в первой последовательности:
Количество вхождений: 10
СССТ
СССС

Наиболее частые 4-меры во второй последовательности:
Количество вхождений: 4
СТАС
```

Для k = 7:

```
Введите значение k: 7

Наиболее частые 7-меры в первой последовательности:
Количество вхождений: 2
ССССААА
ТАGССАТ
АGССАТС
АGАСССС
СТGТССТ
ТGТССТТ
GGССССА
АСССТСА

Наиболее частые 7-меры во второй последовательности:
Количество вхождений: 2
GTGСССС
ТСАGСТС
```