Отчет по лабораторной работе №2, Вариант 4: Вычисление массы протеинов

Цель работы: Основной целью является реализация алгоритма вычисления массы протеиновой последовательности, где масса последовательности определяется как сумма весов ее аминокислот. Согласно условию задачи, вес аминокислоты соответствует моноизотопной массе ее остатка.

Задачи:

1. Создать словарь mass для хранения соответствия между символами аминокислот и их моноизотопными массами
2. Принять на вход протеиновую последовательность, представленную в виде строки символов.

2. Определить соответствие между однобуквенными обозначениями аминокислот и их численными весами.

1. Итерировать по каждому символу (аминокислоте) входной протеиновой последовательности.

4. Для каждого символа найти его вес в предопределенном соответствии.

5. Суммировать веса всех аминокислот в последовательности для получения итоговой массы протеиновой строки.

6. Вывести рассчитанную итоговую массу.

Инструменты, Алгоритмы

Инструменты: для реализации задачи использовался язык программирования Python.

Алгоритмы: Примененный алгоритм является простым итеративным суммированием. Он включает в себя следующие шаги:

* 1. Создание словаря mass{}.
  2. Инициализация переменной для хранения итоговой массы (finish = 0).
  3. Чтение входной протеиновой последовательности. (input())
  4. Перебор каждого символа amin в последовательности protein, при помощи цикла for in

На каждом шаге итерации осуществляется поиск веса текущей аминокислоты amin в словаре mass.

* 1. Найденный вес добавляется к текущей сумме (finish += mass[amin]).
  2. После обработки всех символов последовательности protein, итоговая сумма, хранящаяся в переменной finish, выводится как результат, при помощи print().

Выводы В рамках лабораторной работы была успешно решена задача вычисления массы протеиновой последовательности путем суммирования масс ее составляющих аминокислот. Была разработана и реализована на языке Python программа, которая принимает на вход протеиновую последовательность, итерирует по ее символам и накапливает сумму масс каждой аминокислоты, используя словарь соответствия.