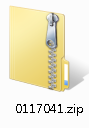
生物科技系程式語言演習B班第三次作業

日期：2017/03/13

學號：(0517064)(未填寫視為缺交)

繳交格式：以學號命名的zip(或.7z)壓縮檔

不符合者視為缺交。

本次要繳交

此份文件檔，hw1.py, hw2.py, hw3.py, output.txt

並放入以學號命名的zip(或.7z)壓縮檔。

第一題：(交程式碼與完成下五題)

string\_DNA='TCAATCAAGATCGCGGCCGGCTCG'

請寫一支程式hw1.py，複製此字串作為變數並於下方寫出與print出結果。

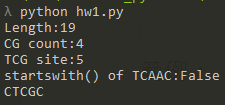
1. 此字串長度：
2. CG的個數：
3. 第一個TCG的位置(使用find())：
4. 使用startswith() 判斷TCAAC的結果：
5. 使用string\_DNA[4:9]切下來的字串區域

將標上紅色：

TCAATCAAGATCGCGGCCGGCTCG

範例：程式輸出順序同題目順序。(你的程式碼結果)

字串String\_DNA='CCTCCTCGCGGCCGGCTCG'



第二題：(交程式碼)

(使用lower(), string\_DNA[],string+string功能)

請寫一支程式hw2.py，複製此字串作為變數。

string\_DNA='TCAATCAAGATCGCGGCCGGCTCG'

使字串中的'TCG'~'TCG'中間的字串轉成小寫，其他區域不變。並且print出完成字串。

Ans:

TCAATCAAGATCGcggccggcTCG

Hint:--------^----------

000000000011111111112222

012345678901234567890123

第三題 open file(交程式碼與output.txt)

請寫一支程式hw3.py，使其能開啟作業中的DNA.txt檔案，將內容作為字串

作為第一題與第二題的輸入字串

並將結果寫入output.txt

(結果需與前兩題一樣)

寫入 此字串長度：

寫入 CG的個數：

寫入 第一個TCG的位置(使用find())：

寫入 使用startswith() 判斷TCAAC的結果：

寫入 使用string\_DNA[4:9]切下來的字串區域

寫入 TCAATCAAGATCGcggccggcTCG(第二題要求)

Hint：

開檔要注意檔案每行有尾巴。

寫檔記得要加上分行(斷行)。

忘記關檔會扣分。