

# Lista 1: Ćwiczenie podstaw języka programowania

Witold Dyrka

Autorstwo niektórych zadań: Agnieszka Kazimierska, Marek Klonowski, Jakub Wojciechowski

18 marca 2024

Rozwiązania zadań proszę przedstawić w formie kodu źródłowego. Kod powinien być opatrzony komentarzami dokumentacyjnymi.

Ponadto dla każdej z funkcji implementujących algorytm napisz funkcję testującą, która na kilku przykładach zademonstruje poprawne działanie testowanej funkcji. Należy rozpatrzeć zachowanie funkcji w przypadkach typowych i brzegowych. Funkcja testująca powinna zwracać użytkownikowi czytelne komunikaty. W celu automatyzacji testów należy wykorzystać asercje do automatycznej weryfikacji poprawności.

Bezwzględnie należy precyzyjnie udokumentować źródła (uwaga na nieumyślny plagiat!). Na przykład, jeśli przy rozwiązywaniu zadań korzystano z materiałów zewnętrznych (np. stron internetowych), wymagane jest podanie źródła. Prosimy zapoznać się z [poradnikiem antyplagiatowym](#). Każdy plik z kodem źródłowym proszę opatrzyć komentarzem informującym o autorstwie, np.

```
/**  
 * @author Witold Dyrka  
 */
```

Powyższy zapis jest traktowany jako równoważny oświadczeniu, że kod został napisany samodzielnie. Należy pamiętać o precyzyjnym wskazaniu źródeł pomocy w pracy np.

// Skorzystałem z odpowiedzi użytkownika frabjous na pytanie:

// <https://tex.stackexchange.com/questions/2291/how-do-i-change-the-enumerate-list-format-to-use-letters-instead-of-the-default>

Uwaga: umiejętne *oraz* dobrze udokumentowane korzystanie ze źródeł zewnętrznych nie obniża wartości samego rozwiązania.

**Zad. 1.** Napisz funkcję `heron`, która dla zadanych boków  $a$ ,  $b$  i  $c$  oblicza i zwraca pole trójkąta  $S$  wykorzystując wzór Herona. Funkcja powinna sprawdzać warunki początkowe (tutaj: poprawność argumentów) oraz rzucić wyjątek, jeśli nie są spełnione lub trójkąt o zadanych bokach nie istnieje.

**Zad. 2.** Napisz funkcję `wspolne`, która dla dwóch multizbiorów  $x$  i  $y$  zwróci ich część wspólną. Funkcja powinna sprawdzać poprawność argumentów.

**Zad. 3.** Napisz funkcję `podzbiory`, która dla danego zbioru  $x$  zwróci listę wszystkich podzbiorów, np. dla  $x = \{a, b, c, d\}$ , funkcja powinna zwrócić  $\{a, b, c, d\}$ ,  $\{a, b, c\}$ ,  $\{a, b, d\}$ ,  $\{a, c, d\}$ ,  $\{b, c, d\}$ ,  $\{a, b\}$ ,  $\{a, c\}$ ,  $\{a, d\}$ ,  $\{b, c\}$ ,  $\{b, d\}$ ,  $\{c, d\}$ ,  $\{a\}$ ,  $\{b\}$ ,  $\{c\}$ ,  $\{d\}$ ,  $\{\}$ , w dowolnej kolejności. Funkcja powinna sprawdzać poprawność argumentu.

**Zad. 4.** Zaimplementuj funkcję, która dla danego  $n$  obliczy i zwróci listę  $n$  pierwszych elementów ciągu Fibonacciego. Zadanie wykonaj w dwóch wariantach, wykorzystując:

- a) iterację (pętlę),
- b) rekursję.

Obie funkcje powinny sprawdzać warunki początkowe i w razie ich niespełnienia rzucać wyjątki.

**Zad. 5.** Napisz funkcję `collatz`, która dla danego parametru  $c_0$  obliczy i zwróci wszystkie kolejne elementy ciągu przed wpadnięciem w cykl:

$$c_{n+1} = \begin{cases} \frac{1}{2}c_n, & \text{gdy } c_n \text{ jest parzyste,} \\ 3c_n + 1, & \text{gdy } c_n \text{ jest nieparzyste,} \end{cases}$$

gdzie  $n \in \{0, 1, 2, \dots\}$ , a  $c_0$  jest dowolną liczbą naturalną. Ciąg ten jest związany z problemem Collatza<sup>1</sup>: *Czy niezależnie od wybranej wartości  $c_0$ , ciąg wpadnie ostatecznie w cykl (4, 2, 1)?* Pytanie to pozostaje jak dotąd bez odpowiedzi...

Wykonaj testy i zanotuj maksymalną wartość elementu ciągu oraz maksymalną długość ciągu — *przed* wpadnięciem ciągu w cykl, a także odpowiadające im wartości  $c_0$ .

**Zad. 6.** *Transkrypcja* jest początkowym etapem ekspresji genu, podczas którego na bazie cząsteczki DNA syntezowana jest cząsteczka RNA. Cząsteczka DNA składa się z dwu nici: kodującej (nici sensownej), biegnącej w kierunku 5' do 3', oraz komplementarnej do niej nici matrycowej (antysensownej), biegnącej w kierunku przeciwnym. Podczas transkrypcji białko zwane polimerazą RNA odczytuje sekwencję nici niekodującej (biegnącej w kierunku 3' do 5') i na jej podstawie syntezuje nową cząsteczkę RNA (w kierunku 5' do 3'). Zatem kolejność zasad w nowo powstającym łańcuchu jest odwrócona względem kolejności w cząsteczce stanowiącej matrycę i taka sama jak w nici kodującej.

Zaimplementuj następujące funkcje:

- a) `komplement`, która dla sekwencji nici kodującej DNA znajduje i zwraca sekwencję nici matrycowej,
- b) `transkrybuj`, która dla sekwencji nici matrycowej DNA znajduje i zwraca sekwencję RNA.

---

<sup>1</sup>[https://pl.wikipedia.org/wiki/Problem\\_Collatza](https://pl.wikipedia.org/wiki/Problem_Collatza)

Kolejnym etapem ekspresji genu jest *translacja*, czyli synteza białka na podstawie sekwencji RNA, a konkretniej — mRNA. Każdy aminokwas w sekwencji białka kodowany jest przez trzy nukleotydy. Takie nienakładające się trójki nukleotydów nazywamy kodonami. Jak łatwo zauważyć, istnieje 64 możliwych kodonów, podczas gdy większość białek składa się z 20 rodzajów aminokwasów. Dzięki tym *nadmiarowym* kodonom zmiana pojedynczego nukleotydu nie zawsze skutkuje mutacją w białku. Oprócz kodonów przypisanych do konkretnych aminokwasów istnieją też kodony **Stop**, które sygnalizują koniec translacji, oraz kodon AUG, pełniący podwójną rolę: kodonu rozpoczynającego transkrypcję oraz kodującego aminokwas metioninę.

Dodatkowo dla chętnych – zaimplementuj funkcję:

- c) **transluj**, która dla sekwencji mRNA znajduje i zwraca sekwencję kodowanego przez nie białka. Sekwencję białka zapisz używając 1- albo 3-literowych **identyfikatorów aminokwasów**.

Rozwiązanie zad. 6 powinno zawierać zestaw dwóch lub trzech funkcji rozwiązujących poszczególne problemy: dla zadanej sekwencji wejściowej funkcje powinny zwracać oczekiwane sekwencje wynikowe. Należy zwrócić uwagę na poprawność zarówno danych wejściowych, jak i wyjściowych. Funkcje należy oczywiście opatrzyć komentarzami dokumentującymi. Należy napisać funkcje testujące, które zademonstrują poprawne rozwiązanie problemów.