# Zajęcia VII

# Cele:

zapoznać się z:

- std::array
- std::vector
- std::map
- std::set

```
#include <stdio.h>
#define ARRAY_SIZE 5

int main() {
  int arr[ARRAY_SIZE] = {1,2,100,-13,0};

  printf("Array size: %d \r\n", ARRAY_SIZE);

  return 0;
}
```

```
#include <stdio.h>
#define ARRAY_SIZE 5
#define ARR_SIZE 4
#define DNA_SIZE 3
int main() {
  int arr[ARRAY_SIZE] = \{1, 2, 100, -13, 0\};
  char dna[DNA\_SIZE] = \{'A', 'T', 'C'\};
  int int_arr[ARR_SIZE] = \{0,1,3\};
  printf("Array size: %d \r\n", ARRAY_SIZE);
  printf("Arr size: %d \r\n", ARR_SIZE);
  return 0;
```

```
#include <iostream>
#include <array>

int main() {
   std::array<int, 5> arr = {1,2,100,-13,0};

   std::cout << arr.size() << std::endl;
   return 0;
}</pre>
```

Co zyskujemy:

- array.size()
- array.at(i) lub array[i]
- array.fill(x)
- array.front() oraz array.back()

### std::vector

```
#include <iostream>
#include <fstream>
std::ifstream file("pliczek.txt");
int main() {
  std::string dnas[10];
  int i = 0;
  while(std::getline(file, dnas[i++]));
  return 0;
```

Plik z <10 liniami: 😊

Plik z >10 liniami: 😕

### std::vector

```
#include <iostream>
#include <fstream>
#include <vector>
std::ifstream file("pliczek.txt");
int main() {
  std::vector<std::string> dnas;
  std::string line;
  while (std::getline(file, line)) {
      dnas.push_back(line);
  return 0;
```

Zawsze: 😊

#### Co zyskujemy:

- push\_back(x) dodaje element na koniec
- pop\_back() usuwa ostatni element
- size() zwraca liczbę elementów
- capacity() zwraca liczbę elementów, które mogą się zmieścić bez realokacji
- empty() sprawdza, czy wektor jest pusty
- clear() usuwa wszystkie elementy
- operator[i] szybki dostęp do i -tego elementu
- front() pierwszy element
- back() ostatni element

- insert(i, value) wstawia element w dowolne miejsce
- erase(i) usuwa element z dowolnego miejsca
- shrink\_to\_fit() zwalnia nieużywaną pamięć

# std::map

```
#include <iostream>
#include <map>
int main() {
  std::map<std::string, int> dnas;
  dnas["CTG"] = 3;
  dnas["ATT"] = 0;
  std::cout << dnas["ATT"] << std::endl;</pre>
  return 0;
```

# std::map

```
#include <iostream>
#include <map>
int main() {
  std::map<std::string, char> codon = {
   {"UAG", '|'},
    {"UUU", 'F'},
  };
  std::string rna = "ATTCGUUUUAG";
  return 0;
```

# std::set

```
#include <iostream>
#include <set>
int main() {
  std::set<char> nucleotides = {'A', 'T', 'C', 'G'};
  std::string dna = "ATTCG";
  for( char nucleotide : dna ) {
    nucleotides.insert(nucleotide);
  if( nucleotides.size() > 4 )
    std::cout << "Invalid dna!" << std::endl;</pre>
  return 0;
```

### Zadanie I

- przyjmie ciąg DNA na wejściu oraz jedną liczbę k.
- wypisze wszystkie możliwe k -mery, każdy w osobnej linii
- musi opierać się o wskaźniki i ich arytmetykę
- cały program nie może zawierać się w main!

# Wejście:

```
ACGTACGT
3
```

### Wyjście:

```
ACG
CGT
GTA
TAC
ACG
CGT
```

### Zadanie II

- dokona przetłumaczenia RNA na ciąg protein
- program wczyta z wejścia ciąg RNA i wyprodukuje na wyjściu ciąg protein
- skorzysta z nowych struktur (array, vector, map lub/i set)
- pamiętaj obsłużyć małe i duże litery oraz błędny, wprowadzony ciąg
- obsłuż STOP na przykład znakiem '|'

Wejście:

UGUCCUCCAUAA

Wyjście:

CPP |

### **Zadanie III**

- wczyta z pliku ciągi DNA
- policzy, jaka jest maksymalna ilość duplikatów
- skorzysta z nowych struktur (array, vector, map lub/i set)
- ciąg ATT i aTt są duplikatami

#### Plik:

```
AT
CGT
GGG
GGG
GGG
```

# Wyjście:

### **Zadanie IV**

- wczyta z pliku sekwencje DNA (ciąg per linia)
- wczyta od użytkownika z wejścia motyw (podciąg)
- wypisze indeksy dla których znaleziono podany przez użytkownika motyw
- zignoruj błędne ciągi w pliku
- nie ignoruj wprowadzonego błędnego motywu
- skorzysta z nowych struktur (array, vector, map lub/i set)

Plik:

CGCATC ATTCG AATCTGGGG

Wejście:

ATC

Wyjście:

0, 2