

**Przypomnienie**

# Tablice

```
char dna[5] = {'T', 'G', 'T', 'A', 'C'};  
char dna[] = "TGTAC";
```

```
int measurements[] = {1024, 512, 256, 128, 128, 64};  
char dna[] = "ATCG";
```

```
char end = '\\0';
```

# std::string

```
std::string dna = "TCC";  
std::cout << dna << " is: " << dna.length() << " chars length." << std::endl;
```

# Zajęcia III

## Cele:

- zapoznać się z zarządzaniem pamięcią,
- omówić adresy, wskaźniki

# Problem

(declaration, by\_value)

```
#include <iostream>

int number;
void add_5( int x );

int main() {
    add_5( number );
    std::cout << number << std::endl;
    return 0;
}

void add_5( int x ) {
    x = x + 5;
}
```

## Problem 2

Napisz funkcję, która policzy i zwróci ilość nukleotydów w ciągu znaków tak, aby funkcja przyjęła argument z ciągiem i zwróciła 4 wartości.

```
int, int, int, int count_nucleotides( std::string dna );
```

# Rozwiązanie - wskaźniki 🎉

```
int* a;
```



```
int x = 5;  
int* pointer_to_x = &x;    // & -> operator pobrania adresu
```

```
void swap(int* a, int* b) {  
    int tmp = *a;           // * -> operator odczytu wartości  
    *a = *b;                // spod adresu (dereferencing operator)  
    *b = tmp;  
}
```

```
#include <iostream>

void swap(int* a, int* b) {
    int tmp = *a;          // * -> operator odczytu wartości
    *a = *b;               // spod adresu (dereferencing operator)
    *b = tmp;
}

int main() {
    int number1 = 10;
    int number2 = 20;

    swap( &number1, &number2 );    // & -> operator pobrania adresu

    std::cout << number1 << " " << number2 << std::endl;
}
```

# Arytmetyka wskaźników

```
char dna[] = "ACGT";  
char first = *dna;  
  
char second = *(dna+1);  
char second = *dna+1;
```

# Arytmetyka wskaźników

```
char dna[] = "ACGT";  
char first = *dna;  
  
char * original_dna = dna;  
  
char nucleotide1 = *dna++;  
char nucleotide2 = *dna++;  
char nucleotide3 = *dna++;
```

# Arytmetyka wskaźników

```
while(*dna) {  
    char nucleotide = *dna++;  
  
    // process nucleotide variable  
}
```

# Zadanie I

Napisz program, który policzy ilość nukleotydów w ciągu znaków i wypisze ich ilość na wyjście.

- Pamiętaj obsłużyć błędny ciąg. Do tego, stwórz funkcję, która zweryfikuje czy podany ciąg jest prawidłowy.
- Musisz w kodzie zawrzeć funkcję o podanej sygnaturze:





## Zadanie II

Napisz program, który wczyta z wejścia ciąg DNA oraz dokona transkrypcji.

- Możesz użyć tylko jednej zmiennej w całym programie, o typie `char dna[]`.
- W programie muszą być co najmniej dwie funkcje. (jedna `main` oraz jedna własna)

# Zadanie III

Napisz program, który policzy ilość wystąpień podanego ciągu w ciągu dna.

- Nie korzystaj z `strstr` ani innych typ podobnych, gotowych funkcji do wyszukiwania.
- Musisz skorzystać z wskaźników
- Musisz w kodzie zawrzeć funkcję o podanej sygnaturze:



**Przykładowe wejście:**

"ACGTACGTACGT"

"CGT"

**Przykładowe wyjście:**

3