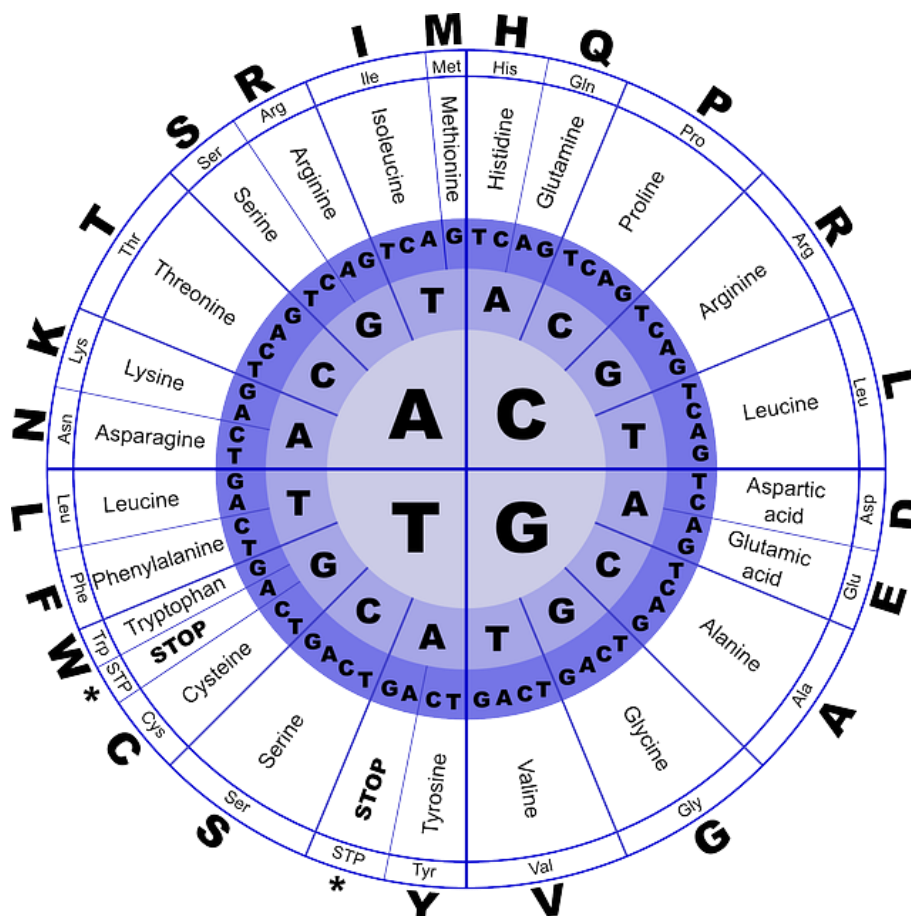


Zadanie 1. Aminokwasy

a) wykonaj zadanie nr.5 z poprzednich zajęć

b) utwórz skrypt, który będzie określał nazwę aminokwasu na podstawie podanej przez użytkownika sekwencji nukleotydów. Wykorzystaj poniższą ilustrację:



źródło: <https://pixabay.com/pl/dna-aminokwasy-biologia-kod-152135/>

Zadanie 2.

Napisz skrypt, który dla podanego przez użytkownika łańcucha DNA (powyżej 12 znaków):

- wyznaczy ilość par zasad w łańcuchu;
- wyznaczy pierwszą, środkową/e (1 lub 2 odpowiednio dla sekwencji nieparzystej i parzystej) oraz ostatnią;
- wykona transkrypcję na mRNA;
- wykona translację
- odwróci sekwencję mRNA;
- obliczy liczebność poszczególnych zasad w łańcuchu DNA
- obliczy zawartość % alaniny i cytozyny w podanym łańcuchu DNA
- zadeklarowaną sekwencję DNA zamieni w listę zasad
- usunie z listy guaninę
- odwróci listę zasad

Zadanie 3.

Napisz skrypt, który porówna dwie sekwencje DNA o identycznej długości podane przez użytkownika (powyżej 10 znaków):

- wskaż zasady o identycznym położeniu
- wyznaczy % zgodności obu sekwencji DNA
- połącz dwie sekwencje

**Przydatne:** Wykaz dostępnych modułów standardowych Python:

<https://docs.python.org/2.7/py-modindex.html>

Metody obsługiwane przez słowniki	
d.clear()	Usuwa wszystkie elementy z słownika
d.copy()	Zwraca kopię słownika
d.get(k)	Zwraca wartość przypisaną kluczowi k lub wartość <i>none</i> jeśli klucz k nie istnieje
d.items()	Zwraca widok wszystkich par (klucz-wartość)
d.keys()	Zwraca widok wszystkich kluczy słownika d
d.pop(k)	Zwraca wartość przypisaną kluczowi k i usuwa element, którego kluczem jest k.
d.values()	Zwraca widok wszystkich wartości w słowniku

Wybrane metody listy	
list(s)	konwertuje sekwencję s na listę
s.append(x)	dodaje nowy element x na końcu s
s.extend(t)	dodaje nową listę t na końcu s
s.count(x)	zlicza wystąpienie x w s
s.index(x)	zwraca najmniejszy indeks i, gdzie s[i] == x
s.pop([i])	zwraca i-ty element i usuwa go z listy
s.remove(x)	odnajduje x i usuwa go z listy s
s.reverse()	odwraca w miejscu kolejność elementów s
s.sort([funkcja])	Sortuje w miejscu elementy
s.capitalize()	zmienia pierwszą literę na dużą
s.center(długość)	Centruje napis w polu o podanej długości
s.count(sub)	zlicza wystąpienie podciągu sub w napisie s
s.replace(old, new)	zastępuje stary podciąg nowym
s.rstrip()	usuwa końcowe białe znaki
s.split(separator)	dzieli napis używając podanego separatora
s.isdigit()	sprawdza czy wszystkie znaki są cyframi
s.islower()	sprawdza czy wszystkie litery są małe
s.isspace()	sprawdza czy wszystkie znaki są białymi znakami
s.isupper()	sprawdza czy wszystkie litery są duże
s.join(t)	łączy wszystkie napisy na liście t używając s jako separatora

Operacja	wynik
$x + y$	suma $x$ i $y$
$x - y$	różnica $x$ i $y$
$x * y$	iloczyn $x$ i $y$
$x / y$	iloraz $x$ i $y$
$x \% y$	reszta z ilorazu $x / y$
$-x$	zanegowane $x$
$+x$	$x$ nie zmienione
abs( $x$ )	wartość bezwzględna $x$
int( $x$ )	$x$ przekonwertowany na liczbę całkowitą
long( $x$ )	$x$ przekonwertowany na długą liczbę całkowitą
float( $x$ )	$x$ przekonwertowany na liczbę zmiennoprzecinkową
complex( $re, im$ )	liczba zespolona z częścią rzeczywistą $re$ , częścią urojoną $im$ $im$ domyślnie przyjmowane jest jako zero.
$c.conjugate()$	conjugate of the complex number $c$
divmod( $x, y$ )	para ( $x / y, x \% y$ )
pow( $x, y$ )	$x$ do potęgi $y$
$x ** y$	$x$ do potęgi $y$