**Вариант 4**

**Цель работы:**

**Цель данной работы заключалась в создании программы на Python, которая вычисляет вес протеиновой последовательности на основе моноизотопных масс аминокислот.**

**Задачи:**

**1. Создать словарь, содержащий соответствие между аминокислотами и их весами (моноизотопными массами).**

**2. Написать функцию, которая принимает строку с протеиновой последовательностью и возвращает её вес.**

**3. Обеспечить проверку длины входной последовательности (не более 1000 символов).**

**Инструменты и алгоритмы:**

**1.Структуры данных:**

**- Словарь weights для хранения масс аминокислот.**

**2.Алгоритмы:**

**- Ввод строки с протеиновой последовательностью.**

**- Проверка длины строки (if len(p) > 1000).**

**- Подсчёт веса строки как суммы масс её аминокислот (sum(weights[aa] for aa in p)).**

**- Форматирование вывода (f"{weight:.2f}").**

**Ошибки и их исправления:**

**1. Некорректный ввод:**

**- Программа не проверяет, содержит ли строка только допустимые символы (аминокислоты).**

**- Исправление: можно добавить проверку if not all(aa in weights for aa in p).**

**2. Округление результата:**

**- В примере ожидается вывод 821.392, но программа округляет до двух знаков (821.39).**

**- Исправление: изменить форматирование на f"{weight:.3f}".**

**Выводы:**

**Программа успешно решает поставленную задачу: вычисляет вес протеиновой последовательности на основе заданных масс аминокислот и округляет полученный результат до двух знаков после запятой.**