

Wstęp do programowania (studia stacjonarne)

Dr Anna Muranova

Semestr zimowy 2024/2025, UWM w Olsztynie

13. Zajęcie (Klasy i pliki)

Ćwiczenie 1. Zaprojektuj i zaimplementuj podstawy gry RPG. W grze może istnieć kilka typów bohaterów, lecz na początku będą tylko dwa rodzaje – wojownik i łucznik. Wiadomo że wszystkie postacie będą opisane imieniem, poziomem życia, oraz posiadać będą operacje która pozwoli obliczyć moc ataku. Zaimplementuj wojownika i łuczniaka zgodnie ze schematem:

- Łucznik: imię, żywotność (w %), zręczność (liczba całkowita), punkty taktyki (liczba całkowita)
- Wojownik: imię, żywotność(w %), siła (liczba całkowita), punkty taktyki (liczba całkowita)

Klasy powinny zawierać konstruktory.

Pozostałe metody:

- i. zmiana pkt życia (nie mniej niż 0% i nie więcej niż 100%),
- ii. moc ataku (zręczność *lub* siła * PT * żywotność)

UWAGA: w przypadku wojownika gdy żywotność spada poniżej 20% wpada w szał i mnożnik żywotności zmienia się na stałe 150%

Ćwiczenie 2. Można używać bibliotekę `random`

- (a) Napisz program, który w pętli generuje 100 liczb całkowitych od -100 do 100 i zapisuje każdą z tych liczbę do odpowiedniego pliku: parzyste do `even.txt`, a nieparzyste do `odd.txt`.
- (b) Napisz program, który wczyta pliki utworzone w poprzednim zadaniu i obliczy sumę oraz średnią arytmetyczną liczb znajdujących się w każdym z nich.

Ćwiczenie 3. Wyobraź sobie, że jesteś bioinformatykiem i otrzymujesz kod genetyczny do analizy w pliku tekstowym.

Kod DNA składa się z 4 zasad azotowych: adeniny(A), cytozyny(D), guaniny(G), tyminy(T). Idealny kod DNA wygląda następująco:

```
TGCACGATCATGTCTACTATCCTCTCTATGGTGGGGTT...
```

Zdarza się, jednak, że kod zawiera małe jak i duże litery. Kolejny problem to maszyny sekwencjonujące nie są wolne od błędów. W zależności od maszyny błędy sekwencjonowania mogą zostać zamienione na znak – czy literę N. W dokumentacji znajduje się następujący zapis:

gdy jakość sekwencji nie pozwala dokładnie odczytać rodzaju zasady azotowej wstawiany jest znak „-” Natomiast, gdy laser szczytujący ześlizgnie się, wstawiane są litery „N”, jednocześnie ostatnia wartość zasady jest ponownie odczytywana bez ubytku zasady w tym miejscu.

- (a) wczytaj plik
`http://wmii.uwm.edu.pl/~muranova/WdPSt2024-25/DNA.txt`
- (b) policz ile razy występuje w kodzie każda zasada azotowa - adenina, cytozyna, guanina, tymina.
- (c) Oczyszć DNA z błędów typu N.
- (d) Policz wystąpienia sekwencji GAGA
- (e) Znajdź miejsce (indeks) w łańcuchu, gdzie występuje 7 guanin z rzędu
- (f) Znajdź miejsce (indeks) , gdzie od końca łańcucha występuje 6 cytozyn
- (g) Policz ile razy w kodzie pojawiła się sekwencja CTGAAA
- (h) W sekwencji CTGAAA czasem mutuje ostania litera A, wówczas jakoś ostatniej litery może być wątplia. Ile sekwencji znajdziesz, jeśli weźmiesz pod uwagę wątpliwą, ostatnią adeninę?
- (i) Na podstawie czystej nici utwórz odpowiadającą jej nić RNA (nić RNA w miejscu tyminy będzie mieć uracyl (U)). Nic RNA zapisz do nowego pliku RNA.txt