

**Zadanie 1.**

W katalogu <http://ribes.if.uj.edu.pl/bioinfo/zadanie1/> każdy znajdzie plik zawierający sekwencję DNA opisany imieniem i nazwiskiem. Plik posiada numer 1. Proszę utworzyć następujące pliki, na podstawie zawartości pliku nr. 1:

- (a) Plik nr. 2 zawierający w każdej linii po 3 kolejne nukleotydy
- (b) Zamienić wszędzie T na U w pliku 2 i zapisać do pliku nr. 3
- (c) Każdą trójkę nukleotydów (kodon) zamienić na trójliterowe oznaczenie aminokwasu kodowanego przez nią. Wynik zapisać do pliku nr 4.
- (d) W pliku nr. 4 zamienić oznaczenia trójliterowe na standardowe jednoliterowe i zapisać w pliku nr. 5
- (e) Usunąć znaki końca wiersza z pliku nr 5, tak aby powstał nieprzerwany ciąg znaków (jeden wiersz). Zapisać wynik do pliku nr. 6

Sześć plików skonstruowanych wg. powyższej procedury (wliczając treść) stanowi rozwiązanie zadania. Osoby które rozwiążą zadanie muszą zgłosić się osobiście do prowadzącego w godzinach dyżurów celem przedstawienia wyników oraz omówienia

metody użytej do rozwiązania zadania. Proszę przychodzić wyłącznie pojedynczo.

Przykładowe rozwiązanie zadania znajduje się w plikach z moim imieniem i nazwiskiem. Osoby które nie znajdą swoich plików w katalogu są zwolnione z rozwiązywania zadania.

**Zadanie 2.**

Ze względu na charakter pracowni, każdy student posiadający komputer musi zainstalować program *Mathematica* w wersji studenckiej. Bez możliwości praktycznego przygotowania się do pracowni oraz stałego treningu w użytkowaniu software i programowaniu zaliczenie przedmiotu może być znacznie utrudnione.

W celu potwierdzenia instalacji proszę o przesłanie wyniku (liczbowego, np. 2.27) oraz pliku wynikowego (.nb) standardowego benchmarku swojego komputera (Help→About→SystemInformation→Benchmark ...).

Ostateczny termin (deadline) 22 listopada godz. 12<sup>00</sup>. Komputer na którym będę sprawdzał zadanie *nie posiada* CD-ROM oraz stacji dyskietek. Proszę użyć pendrive, wysłać plik e-mailowo, lub umieścić w sieci.