

Zadanie 1.

Napisać funkcję która jako argument przyjmuje łańcuch tekstowy (String) zawierający sekwencję DNA i zwraca na wyjściu listę zawierającą trójki kodonów.

Dla chętnych: rozwinąć funkcję, która w docelowej postaci powinna:

- (a) uwzględniać DNA o liczbie nukleotydów niepodzielnej przez 3
- (b) wykrywać błędnie podane argumenty
- (c) wykrywać znaki nie odpowiadające nukleotydowi i zamieniać je na "X"
- (d) umożliwiać rozpoczęcie od $n - tej$ pozycji

Zadanie 2.

Napisać funkcję o nazwie **tRNA**, która:

- (a) jako argument przyjmuje trójki nukleotydów (patrz Zad. 1), a zwraca nazwę aminokwasu który jest kodowany przez podany argument. Przykładowe wywołanie: **tRNA["AAA"]** wynik: **Out :=Lys**
- (b) Dodać możliwość wyboru generowanej nazwy (pełna, trzyliterowa, jednoliterowa).

- (c) Funkcja w docelowej postaci powinna reagować na kodony "STOP".
- (d) W bazach danych często mamy do czynienia z sytuacją, gdy część nukleotydów w sekwencji nie jest znana: oznaczane są wtedy jako "X". Rozszerzyć funkcję tak, aby uwzględniała możliwość wystąpienia "X" w sytuacjach gdy kodowany aminokwas jest wyznaczony jednoznacznie,
- (e) * jak powyżej, ale w dowolnej sytuacji.

Wskazówka: aby uniknąć ręcznego wpisywania kodonów do funkcji można skorzystać z danych zawartych w **ChemicalData["AminoAcids"]** w rekordzie oznaczonym **"Codons"**.

Wskazówka do punktu (b): standardowe skróty trzyliterowe oraz jednoliterowe są podane w opisie struktury "PDB" (Protein Data Bank) oraz licznych źródłach w internecie i podręcznikach

Zadanie 3.

Korzystając z wyników Zad. 1 i Zad. 2 dokończyć Zad. 3 i Zad. 4 z poprzedniego zestawu.

Zadanie 4.

Wybrać z baz danych **GenomeData** i **ProteinData** dowolną powiązaną parę sekwencja DNA - sekwencja aminokwasów. Dokonać translacji sekwencji DNA przy pomocy napisanych wcześniej funkcji i porównać z odpowiadającą sekwencją pobraną z bazy **ProteinData**.