

C, προβλήματα εξάσκησης.

Για κάθε πρόβλημα δίδεται στο τέλος του (μέσα σε παρενθέσεις) μία εκτίμηση του βαθμού δυσκολίας του.

1. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο τις τιμές της συνάρτησης $y = 13.3x^2 + 1.3x - 4.3$ για όλες τις τιμές του x από 0 μέχρι και 100 και με βήμα 0.50 (1/10).
2. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο αριθμούς κινητής υποδιαστολής και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο το μέσο όρο των αριθμών που διάβασε (2/10).
3. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο μία πρωτεϊνική αλληλουχία και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο το μήκος (σε αμινοξικά κατάλοιπα) της αλληλουχίας που διάβασε (3/10).
4. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο μία πρωτεϊνική αλληλουχία και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο την αντίστροφη της αλληλουχία (δηλαδή: τα ίδια κατάλοιπα, αλλά πηγαίνοντας από το C-τελικό άκρο προς το N-τελικό). (4/10).
5. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο πρωτεϊνικές αλληλουχίες (με μία αλληλουχία ανά γραμμή εισόδου) και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο το μήκος (σε αμινοξικά κατάλοιπα) της μεγαλύτερης από τις αλληλουχίες που διάβασε (5/10).
6. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο μία αλληλουχία DNA και θα την ερευνά για την παρουσία (ή όχι) της αλληλουχίας ATCGA (6/10).
7. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο μία πρωτεϊνική αλληλουχία και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο το συνολικό πλήθος καθενός από τα είκοσι αμινοξέα (7/10).
8. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο μία πρωτεϊνική αλληλουχία και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο τη θέση και το μήκος (σε αμινοξικά κατάλοιπα) της μεγαλύτερης (σε μήκος) υπακολουθίας η οποία να αποτελείται αποκλειστικά φορτισμένα κατάλοιπα [‘υπακολουθία’ μιας αλληλουχίας είναι μία οποιαδήποτε σειρά διαδοχικών (στην αλληλουχία) καταλοίπων]. Θεωρήστε ως φορτισμένα μόνο τα κατάλοιπα K, R, D και E [(8/10)].
9. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο δυο πρωτεϊνικές αλληλουχίες και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο τις θέσεις (σε αμινοξικά κατάλοιπα) της πρώτης αλληλουχίας στις οποίες βρέθηκε η δεύτερη αλληλουχία (ή, θα τυπώνει, "not found" εάν η δεύτερη αλληλουχία δεν υπάρχει στην πρώτη) (9/10).
10. Γράψτε ένα πρόγραμμα σε C το οποίο θα διαβάζει από την καθιερωμένη είσοδο δυο πρωτεϊνικές αλληλουχίες και θα τυπώνει στην καθιερωμένη έξοδο τη μεγαλύτερη (σε αριθμό καταλοίπων) κοινή υπακολουθία των δύο αλληλουχιών, καθώς και τη θέση (της κοινής υπακολουθίας) στις δύο αλληλουχίες (10/10).

Enjoy,

NMG