

Übungen zum Bioinformatik-Tutorium

Blatt 5

Termin: Dienstag, 13.07.2017, 12 Uhr

Streams

Lies die Datei `/home/proj/tutorium_bioinformatik/C_elegans.proteinLengths.tsv` ein und speicher die Daten in einer geeigneten Datenstruktur (z.B. `ArrayList<Protein>`). Löse mit Streams und Lambdas in jeweils einer Zeile:

- (a) Zähle die Anzahl der Proteine, die länger als 5000 Aminosäuren sind (Ergebnis: 42)
- (b) Gib die Summe aller Proteinlängen aus (Ergebnis: 14209219)
- (c) Gib das Minimum aller Proteinlängen aus (Ergebnis: 11)
- (d) Gib das Maximum aller Proteinlängen aus (Ergebnis: 18562)
- (e) Konkateniere alle IDs von Proteinen, die länger als 5000 Aminosäuren sind.
 - (i) Mit Hilfe von `reduce`
 - (ii) Mit Hilfe von `reduce` auf einen parallelisierten Stream
 - (iii) Mit Hilfe von `forEach`
 - (iv) Mit Hilfe von `forEach` auf einen parallelisierten Stream
 - (v) Mit Hilfe von `forEachOrdered`
 - (vi) Mit Hilfe von `forEachOrdered` auf einen parallelisierten Stream

Lambdas

Importiere die Java-Klasse `Java8Aufgabe2` aus `/home/proj/tutorium_bioinformatik/` und ersetze wie in den Kommentaren angegeben die `nulls` durch Implementierungen des `Computer`-Interfaces. Dabei soll einmal eine Methodenreferenz verwendet werden, einmal ein Lambda-Ausdruck, einmal eine anonyme Klasse und einmal eine innere Klasse.