

# 1 DNA

# 1 DNA

```
#!/usr/bin/perl -w
#MeowChow from http://www.perlmonks.com/ use strict;
```

```
my $dna = <<'DNA';
CG
T--A
A---T
A----T
C----G
T----A
A---T
G--C
CG
CG
C--G
G--C
G----C
C----G
A---T
C--G
G--C
AT
CG
A--T
A---T
G----C
A----T
G----C
C--G
A--T
GC
CG
G--C
A--T
G----C
G----C
G----C
A---T
T--A
AT
CG
T--A
C--G
A----T
A----T
G----C
A---T
A--T
CG
TA
T--A
G--C
G----C
C----G
A---T
C--G
G--C
CG
TA
T--A
C--G
T----A
C----G
A----T
C--G
G--C
GC
TA
G--C
C--G
G----C
G----C
G----C
A---T
T--A
CG
AT
G--C
A---T
A----T
C----G
A---T
A--T
```

```

CG
CG
G--C
G---C
G----C
A----T
T----A
C---G
G--C
CG
TA
A--T
A---T
G----C
A----T
A----T
C---G
A--T
GC
TA
G--C
C---G
T----A
G----C
G----C
C---G
T--A
AT
CG
G--C
G---C
T----A
C----G
G----C
C---G
C---G
CG
AT
T--A
C---G
G----C
G----C
A----T
T----A
G--C
CG
TA
G--C
A---T
G----C
A----T
G----C
DNA

```

```

my %base_map = (
  'A' => 0,
  'C' => 1,
  'G' => 2,
  'T' => 3,
);

my @rna_strand;

#first, let's process each single line on it's own
foreach my $dna_strand (split /\n/, $dna)
{
  #and extract the 2 base components
  $dna_strand =~ /.*(\w).*(\w).*/;

  #and we pick one
  my $picked_base;

  #let's alternate from left to right with a frequency of 9
  if ((scalar(@rna_strand) / 9) % 2)
  {
    $picked_base = $2;
  }
}

```

```

    }
    else
    {
        $picked_base = $1;
    }

    #now let's convert the picked base to it's numerical value with %base_map
    push @rna_strand, $base_map{$picked_base};
}

#Not time to extrace information from the genesmy $genetic_code;

#process every piece of the RNA strand in sequence, 4 by 4while (scalar(@rna_strand))
{
    $genetic_code .= chr((64 * shift @rna_strand) + (16 * shift @rna_strand) + (4 * shift @rna_strand) + (shift @rna_strand));
}

#finally, execute RNA codeeval $genetic_code;

#comments brought to you by <gozer@cpan.org>

```

---

syntax highlighted by Code2HTML, v. 0.9

# Table of Contents:

1 DNA . . . . .	1
-----------------	---