

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU									TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	
101	5	0	15	25	0	45		0	10	10	0	0	0	20		65
102	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0		5
103	5	0	9	4	0	18	Pointer kullanımı hatalı yapılmış ve sonsuz döngü oluşturuyor	0	0	0	0	0	0	0		18
104	5	0	15	25	0	45		0	10	10	0	0	0	20		65
105	4	5	14	0	5	28	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı Aşama 3: Boşluklandırma hatalı							0	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalısn. Kodun doğru/yanlış giriş yapıldığını anlayamıyorsun ne girilirse girilsin sonsuz döngüye giriyorsun. Koşul tanımında hata var. While döngüsü içerisindeki for ilk girişteki gen boyu kadar dönüyor. Yeni girilen gen boyunun	28
106	5	5	0	0	0	10		0	0	0	0	0	0	0	boyut adlı bir değişken tanımlayıp içine herhangi bir değer atamamışsın ve bu değişkeni kullanarak dizgi tanımlamışsın. bu değişkene atanan çöp değer boyutu kadar kullanıncan giriş alabiliyorsun , yani kullanıncı girişini doğru alamıyorsun. Giriş kontrolü için kodunda bulunan	10
107	5	0	14	24	0	43	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	0	0	0	20		63
110	1	0	0	0	0	1	Döngüler konusunda baya büyük hatası var	0	0	0	0	0	0	0	if koşul tanımlamasından virgülle koşulları ayıramazsın, bu konuya tekrar bakmalısın.	1
111	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0		20
112	4	0	15	25	0	44	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	Kullanıcıdan girdi alamıyorsun. dizgi için i teker teker char olarak doldurmak istiyorsan & kullanman lazım. for döngüsü 1000 kez dönüyor her seferinde char girdisi isteniyor. stricmp deki yanlış kullanımı olması kodun 1000 giriş yapana kadar sonlanmıyacak, hatadan dolayı sonlanıyor. stricmp kullanımında if deki koşul tanımlamasında saydığımızda 3 farklı hata var, bu fonksiyonun kullanımına tekrar tekrar bakmalısın. mrna için tanımladığın fonksiyonda çok ciddi kavramsal hatalar var.Aynı şekilde rand fonksiyonunun kullanımı yanlış, kesinlikle buna tekrar bakmalısın.	44
113	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0		45
114	5	5	15	24	0	49	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	4	8	0	0	0	0	12	Kodundaki geçerli giriş kontrolü bir kez yapılabiliyor ve kullanıcıdan tekrar giriş alamıyorsun. Nükleotit sayımını başlatmak için kullandığın if koşulunu yanlış tanımlamışsın if(e==0) yapman	61
116	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0	While döngüsü a değişkeni ile kontrol ediliyor ancak a değişkeni kod çalıştırıldığında çöp değer tutuyor herhangi bir atama yapmamışsın. while döngüsünde "a;" gibi bir kullanım yapmışsın bu satırda da a değişkenine hala bir atama yok while döngüsü tüm kod boyunca çöp değerler üzerine çalışıyor. Doğru giriş verince de alınmıyor	5
117	4	5	15	25	5	54	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	9	10	10	10	0	3	42	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizgi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	96
119	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0		45
120	5	0	15	25	0	45		0	10	10	10	0	0	30	giriş kontrolünde for-while kullanımında mantıksal hata var. Ayrıca stricmp kullanımında hata var.stricmp ile char kontrolü yapmak istiyorsan bu fonksiyonun nasıl kullanılması gerektiğine bakman lazım.stricmp sorunu halledilecek ilk hatı girişten sonra i değeri ile karşılaştığın hatalı nükleotidin index değerlerinden başlayarak diğer girişleri kontrol etmeye çalışıyor. for döngüsü ilk girişteki gen in boyu kadar dönüyor ve yeni girişin boyunun bu kontrol üzerinde bir etkisi yok. Yeni girişin gen boyu da zaten hesaplanmamış.Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	75
121	5	0	14	25	0	44	Aşama 1: Aşama 2: Aşama 3: Aşama 4:	0	0	0	0	0	0	0		44
122	5	4	15	25	0	49	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	0	0	0	0	0	0	0	stricmp kullanımından kaynaklı, kullanıcıdan aldığın genin sadece A,T,G veya C ye eşit olmasını bekliyorsun. Her nükleotitte aynı ayrı olup A,T,Gveya C ye eşit olup olmadığna bakmıyorsun. do-while daki koşul tanımın hatalı. Ek olarak içeride başka bir koşul tanımlayıp bu döngüden	49
123	5	5	14	0	5	29	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	10	1	41	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalısn. Giriş kontrolünde while koşul tanımın çok yanlış, böyle bir kullanım yapamazsın. Bu kısım dışında her yeni girişte for dönsünü baştan başlatman lazım. Ek olarak yeni girilen gen boyunu hesaplayp for döngüsünü bu değere göre döndürmen lazım.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizgi ve yapının üçünü de etkin olarak	70
125	4	0	3	0	0	7	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı Aşama 3: Dikeyde yazdırmaya çalışılmış	0	0	0	0	0	0	0	kullanmak	7
126	2	0	0	0	0	2	Aşama 1: Döngü kırma ve çözüm ögesi yanlış kullanılmış	0	10	10	10	0	0	30	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	32
127	5	0	15	25	0	45		0	10	10	10	5	4	39	Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olma koşulu sağlanmak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kıstırmış oluyorsun. Örneğin Alternatif Kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizgi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	84
128	2	0	14	0	0	16	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı ve kare oluşturamamış Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	0	5	0	0	0	5	Gereksiz yere uzun yapı kullanımı var (pes peşe bir sürü if-else).mrna oluşumunu daha kısa bir şekilde yapabildirdin.	21
129	1	0	0	22	0	23	Aşama 1: Kare yazdırılmamış Aşama 4: Yatayla uğraşılmış	0	10	10	10	10	2	42	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizgi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	65
130	5	0	15	0	0	20		0	10	10	5	0	0	25	Alternatif kod üretiminde girilen gen içindeki nükleotitlerden seçiliyor, özellikle gen boyu 1 olduğunda tesadüfen değil koddaki mantık hatasından dolayı girilen gen ile üretilen kod aynı oluyor. Tam rastgeleliği sağlayamamışsın. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	45

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU										
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)	
133	3	0	0	0	0	3	Aşama 1: Döngüler hatalı kullanılmış	0	0	0	0	0	0	0			3
135	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0			20
137	5	3	15	0	5	28	Aşama 2: Koşullandırma hatalı	5	10	10	0	0	0	25	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalsın. Giriş kontrolünde ilk hatalı girişten sonra diğer girişler ilk hatalı giriş gen boyu kadar kontrol ediliyor(örn: AUG girildi sonraki giriş ATGCU olduğunda ilk 3 nükleotit kontrol ediliyor. yeni girilen gen boyunu while içindeki ilk for döngüsünden önce hesaplayıp for döngüsünün sınırı ona göre ayarlasan böyle bir		53
139	5	5	15	0	5	30		0	10	10	10	5	1	36	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalsın.Gecersiz giriş kontrolünde hatalı giriş algılandığında for döngüsü ilk girişteki gen boyu kadar dönmeyi tamamlamadıysa, yeni giriş son hatalı girişin olduğu indisten itibaren kontrol ediliyor. else koşulunda break ile for döngüsünden çıkmalıydın. Ek olarak yeni girişin gen uzunluğu hesaplanıp for döngüsü bu değere bağlı döndürülmeli. Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olmama koşulunu sağlamak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kıstamış oluyorsun. Örneğin Alternatif Kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.		66
141	4	0	2	0	0	6	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı Aşama 3: Sonsuz döngü yapılmasına rağmen dikey döngüsü doğru yazıldığı için puan verildi	0	0	0	0	0	0	0	Tek char girişi alabiliyorsun. While içerisindeki koşul tanımlı yanlış. Doğru ya da yanlış giriş algılayışı yapılamıyor.		6
142	5	0	15	24	0	44	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	0	10	10	0	0	20	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).		64
143	2	5	15	24	5	51	Aşama 1: Kare dikey sabit alınmış Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	10	10	10	0	0	0	30			81
145	5	0	15	25	0	45		0	10	10	5	8	0	33	Alternatif kod üretiminde rand()%3+1 kullanımdan dolayı hiç bir zaman "A" ataması yapamıyorsun buda tam bir rastgelelik sağlamıyor. Alternatif kodları tutmak için tanımladığın dizgi boyutları girilen gen boyundan büyük olduğunda dizgi sonu karakteri koymasın çöp değer atamasından dolayı strcmp de doğru karşılaştırma yapamamı durumu oluyor. Bu nedenle Aşama 5 de alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu tam sağlanamıyor. Alternatif kodlar aynı geldığında her ikisini değil de sadece ikincisini tekrar üretmen yeterli olurdu.		78
147	0	0	0	0	0	0	Yapılmamış	0	0	0	0	0	0	0			0
150	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0			45
151	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0	Kullanıcıdan sadece 4 nükleotit girişi alabiliyorsun. Kontrolü sadece if kullanarak yaptığın için kodun yanlış giriş yapıldığında tekrar giriş istemiyor. Kontrolü sadece a,t,g,c için yapmışsın ancak bu kontrol A,T,G,C dışında herhangi bir giriş yapıldığında çalışabilmeliydi.		5
156	5	0	14	25	0	44	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	5	0	0	25	srand()' fonksiyonun içinde ve for döngüsünün başında kullanmışsın bu nedenle alternatif kod üretiminde tam bir rastgele üretim sağlamıyorsun. Uzun bir gen geldiğinde alternatif kodlarda aynı karakterin tekrar ettiğini görebilirsin. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).		69
158	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0			20
160	5	4	14	0	0	23	Aşama 2: Sadelik gözletilmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	0	0	30	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabiliyor.Giriş kontrolünde doğru nükleotide rastlandığında döngüden çıkıyorsun, yani ilk nükleotit doğruysa zaten diğerleri kontrol edilmiyor. For ile geçersiz giriş döngüsünü sağlamak istiyorsan Her yeni giriş alındığında for döngüsündeki kontrol indisini sıfırlayarak döngüyü tekrar başlatman gerekiyor, yoksa bir kez kontrol ettikten sonra i indisi ilk hatalı nükleotitin oldu yerden devam ediyor. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).		53
161	2	0	0	0	0	2	Aşama 1: Satırlar doğru yazılmıyor	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 4 nükleotit girişi sağlanabiliyor onuda 4 scanf ile yapmışsın. Kullanıcı mecbur 4 nükleotit girmek zorunda. While koşulun çalışmıyor, tekrar incelemesin ve daha pratik bir yöntem bulmalısın. integer tanımladığın değişkenin strien ile boyunu bulmaya çalışmışsın ki zaten dizi/dizgi değil. strcpy kullanımın çok çok çok hatalı.		2
162	5	5	15	24	5	54	Aşama 4:Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	0	0	30	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).		84
163	0	0	0	0	0	0	Döngüler konusunda baya büyük hatası var	0	0	0	0	0	0	0			0
164	0	0	0	0	0	0	Fonksiyon yazılma kısmında baya büyük hatası var	0	0	0	0	0	0	0			0
166	0	0	0	0	0	0	Yapılmamış	0	0	0	0	0	0	0			0
168	5	5	13	22	5	50	Yatay ile dikey karıştırılmış	0	10	10	10	0	0	30	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99nükleotit girişi sağlanabiliyor. Kodun yanlış girişi algılayabilmesi için tüm nükleotitlerin hatalı olması gerekiyor çünkü bir tane doğru nükleotit olunca x değişkeni sıfırdan farklı oluyor ve kontrol sağlanamıyor. Koşulu x değerinin sıfır olmasına değil de girilen gen boyuna bağlı tanımlasan en azından bu sorunu çözebilirsin. Ek olarak nükleotit sayılarını tutan değişkenleri while döngüsünün başında sıfırlaman gerekiyorçünkü giriş kontrolü koşulun onların toplamına bağlı.Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).		80

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU										TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI		
169	5	0	15	25	0	45		0	10	10	10	10	2	42	Aşama-1 de kontrol kısmındaki mantık hatasından dolayı doğru giriş yapılisa bile do-while dan kaçamıyorsun. Öncelikle for döngüsünün içinde if-else kullanmak yerine arka arkaya if kullandığın için varmı değişkeni olması gerekenden fazla artıyor. Örneğin "A" girişi yaptığında ilk if i varmı değişkenini arttırmadan geçiyorsun ancak alttaki diğer üç if koşulunu sağlamadığı için yani G,T ve C ye eşit olmadı için varmı değişkeni artıyor ve sen do-while dan kaçamıyorsun. Ek olarak while içindeki for döngüsü ilk girişte alınan gen boyu kadar dönüyor. Yani hatalı girişten sonra aldığı yeni gen boyu ilk girişlerden büyüğe bu genin tüm elemanlarını kontrol edecek kadar for döngüsü dönüyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	87	
170	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0	For dan sonra ":" koyduğün zaman alttaki işlemi döngü içinde yapmış oluyorsun. Şuan kullanicıdan girişi alamıyorsun tek char değeri alınyor. 4 yerde aynı hatayı yapmışın kodunda döngü kavramı amaca uygun çalışmıyor. Koşul tanımlamalarında sıkıntı var. Kodun çok fazla kavramsal hata içeriyor.	20	
174	5	4	15	25	5	54	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	0	0	0	0	0	0	0	54		
175	5	0	11	25	5	46	Aşama 3: Gereksiz döngü kullanımı var	0	0	0	0	0	0	0	46		
176	5	0	15	17	0	37	Aşama 4: Yatayda tekrarlama hatalı yapılmış	0	10	10	10	0	0	30	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	67	
179	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0	20		
180	5	0	14	0	0	19	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	19		
181	4	0	0	0	0	4	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	4		
182	5	4	15	0	0	24	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	0	0	0	0	0	0	0	strcmp kullanımin yanlış. Kodun gen uzunluğu 1 den büyük olduğunda doğru girişleri algılamıyor.	24	
183	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0	20		
184	5	5	15	24	0	49	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	49		
187	5	4	14	0	5	28	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	10	0	40	28		
188	0	0	0	0	0	0	Yapılmamış	0	0	0	0	0	0	0	0		
192	1	0	0	0	0	1	Aşama 1: Satir bile yazdıramamasına rağmen donguyu dogru kullanilmis	0	0	0	0	0	0	0	1		
193	5	5	15	0	0	25		0	10	10	0	0	0	20	Giris kontrolunde strsr kullanımı hatalı. Hatalı yada doğru giriş algısı yok. while döngüsünden çıkabiliyorsa kod doğru giriş yapmış demektir ancak buna rağmen while dan sonra tekrar if yapısı ile yanlış giriş uyarısı yazdırılıyor. if in koşulu 2 değişkenine bağlı ve bu değişkenin kontrolü zaten busatıra kadar yapılmadığı için otomatikman sonuç ne olursa olsun bu ibare yazdırılıyor. Aynı mantığı while içinde de yapmışsın.	45	
194	5	4	14	0	5	28	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	kullandığın for dönlüsü girilen dizgi boyutuna uygun tanımlanmamış, sabit bir değerde, bu nedenle bazı girişler için gereksiz yere döngü kullanımı var. whileda koşul tanımın yanlış. strcmp kullanimında büyük hatalar var. Bu fonksiyonunun kullanımını tekrar incelemelisin. for-while kullanimında mantıksal hata var, i değişkeni sürekli artıyor ve bu değişkenle sen dizginin elemanlarına ulaşmaya çalışıyorsun. Birkaç hatalı girişten sonra 3 elemanlı bir gen girişinde 56. elemanı kontrol etme gibi bir durumla karşılaşma ihtimalin var.	28	
195	4	0	15	0	0	19	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	19		
196	2	0	15	19	5	41	Aşama 1: Kare oluşturalmıyor. Aşama 4: Dongu yanlış yerde kullanılmış.	0	10	10	10	8	2	40	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	81	
197	5	4	15	0	5	29	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	4	10	6	0	0	0	20	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 98 nükleotit girişi sağlanabiliyor.Giris kontrolunde ilk hatalı girişten sonra diğer girişler ilk hatalı giriş gen boyu kadar kontrol ediliyor(örn: AUG girildi sonraki giriş ATGCU olduğunda ilk 3 nükleotit kontrol ediliyor. döngüde yeni giriş aldiktan sonra "len" değişkenini güncellemen gerekiyordu. mma için yazdığın kodda "i" değişkenini hep artması gerekirken sen else koşulunun altına kodu yazdığın için kod döngüde dönmüyor. Neden kullandığını düşün ve düzelt.	49	
198	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0	Kodunda çok fazla kavramsal hata var.	45	
199	5	0	15	0	0	20		0	10	10	5	0	0	25	Alternatif kod 1 de bir dizgi içinden seçim yaptığın için tam rastgeleliği sağlayamamışsın. Örneğin gen boyu bir olduğunda her zaman alternatif kod 1 A olarak üretiliyor. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).Dizide nükleotit dizimi farklı olabilir ancak hala aynı gelme ihtimali var bunu koşul yapıları ile kontrol etmen gerekiyordu.	45	
200	5	0	14	25	5	49	Aşama 3:Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	49		
201	5	5	15	0	0	25		0	0	0	0	0	0	0	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalısn. giriş kontrolünde if koşulu tanımlaman ve strcmp kullanımin hatalı. strcmp kullanıma tekrar bakmalısın şuan karşılaştırmay yapamıyorsun. if koşulunun kontrolünde kullandığın for döngüsü sabit bir sayı kadar çalışıyor ve bu sayı "i" değişkenine değer atamadığın için çöp değer oluyor. Döngü kullanımı eksikliğinden kodun yanlış giriş yapıldığında tekrar giriş isteyemiyor.	25	
203	5	0	15	25	0	45		0	10	10	0	0	0	20		65	

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU								ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DIKEYİ TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM		
204	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0		20
205	1	2	0	0	0	3	Aşama 1: Kare çizdirilememiş Aşama 2: İç boyutlması hatalı	0	0	0	0	0	0	0		3
207	5	0	15	24	0	44	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0		44
208	5	0	0	10	0	15	Aşama 4: Yatay tekrarı yapamamış	0	0	0	0	0	0	0	char karşılaştırmada strcmp kullanımı hatalı. if için tanımladığın koşula tekrar bakman lazım. For ile geçersen giriş döngüsünü sağlamak istiyorsan Her yeni giriş alındığında for döngüsündeki kontrol indisini sıfırlayarak döngüyü tekrar başlatman gerekiyor, yoksa bir kez kontrol ettikten sonra i indisini hata nükleotid oldu yenden devam ediyor. nükleotit sayımında strcmp hatalı ve while kullanımı mantıklı değil ,sonsuz döngüye neden olacak bir kullanım yapmışsın.If ile bu kontrolünü sağlayabilirsin.	15
209	5	0	14	25	0	44	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	9	10	10	5	5	0	39	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamalsın.Kodun içinde rand fonksiyonu sadece 1 kez çalışıyor.Girilen gen boyunu ikiye bölüp hep aynı değeri atamışsın. 4 boyutlu bir gen girilirse üretilen alternatif kod AATT gibi ilk yarı ve ikinci yarı kendi içinde tekrar ediyor, yani tam rastgeleliliği sağlamıyorsun	83
210	5	5	15	25	0	50		6	10	10	10	10	2	48	Giriş kontrolünde ilk hatalı girişten sonra kullandıcın yeni giriş aldığında while dönsü bir önceki girişteki ilk hatalı nükleotidin bulunduğu indis kontrol ediyor ve for döngüsü de bu indisten itibaren dönmeye devam ediyor. "AAU" girişinden sonra "AAU" girişi bu nedenle doğru kabul ediliyor. Yeni giriş aldıktan sonra i değişkenini sıfırlarsan bu sorunu çözebilirsin. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	98
211	5	0	15	24	5	49	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	5	8	0	0	0	0	13	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamalsın. while döngüsünü kontrol eden cıkis değişkeninin yanlış bir şekilde sıfırlanmasından kaynaklı giriş kontrolü hatalı çalışıyor. "Aa" girişinde bir tane doğru nükleotit olduğu için cıkis değışkeni sıfırladı, sonraki giriş kontrol edilmeden döngüden çıkıyor. Sayımda pointer kullanımında hata var.	62
212	5	0	15	25	5	50		0	0	0	0	0	0	0		50
213	5	5	14	0	0	24	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	10	10	10	10	6	4	50	alternatif_kod_uret_ve_yaz fonksiyonunun aldığı dizinin kapasitesi "uzunluk+1" olacak ve fonksiyon içinde de "0" ile diziyi bitirmeyi unutmamalı. Özellikle 1 nükleotit girişlerinde kodundaki kurur iyice gözüküyor: aynı alternatif kodlar üretiyor. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	74
214	1	0	0	0	0	1	Aşama 1: Yazdırma yapmamış.	0	0	0	0	0	0	0		1
215	2	2	15	18	0	37	Aşama 1: Hatalı kare yazma döngüsü kullanılmış Aşama 2: Boslukları ekleme hatalı yapılmış Aşama 4: Yatay yazdırma yapılmış ama döngüde büyük hatalar var.	0	0	0	0	0	0	0		37
217	5	0	12	0	0	17	Aşama 3: Gereksiz döngü kullanımı var	0	0	0	0	0	0	0		17
218	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0	dizi tanımlıp, kullandıcn aldığın girişi integer olarak kayıt etmeye çalışıyorsun! Dizi kullanımında kavramsal hatalar var , pointer kullanmışsın ama kullanı yanlış.	20
219	1	0	0	0	0	1	Aşama 1: Sadece satır yazdırılmış	0	0	0	0	0	0	0		1
301	4	0	15	0	0	19	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	0	0	0	20		39
304	5	5	15	25	0	50		0	10	10	0	0	0	20	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabiliyor. Giriş kontrolünde ilk hatalı girişten sonra diğer girişler ilk hatalı giriş gen boyu kadar kontrol ediliyor(örn: AUG girildi sonraki girişi ATGCU olduğunda ilk 3 nükleotit kontrol ediliyor. Çünkü yeni alınan girişteki gen boyu hesaplanmıyor, hesaplanmada kurgu hatasından dolayı kontrole etki edemiyor. Diğer bir sıkıntı ise şöyle for döngüsünde i değışkeni sürekli artıyor, ilk hatalı girişi yaptıktan sonra diğer kontroller ilk hatanın karşılaştığı indexden devam ediyor. Yani "AGU" girişinden sonra "r" girişi yapıldığında kodunu bunu doğru olarak algılıyor çünkü gen[3] indisini kontrol ediyor.	70
305	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabiliyor. while daki koşul tanımlı çok yanlış. Kullandıcın aldığın genin sadece A ,T,G veya C ye eşit olmasını bekliyorsun... Her nükleotitte aynı aynı ulaşp A,T,Gveya C ye eşit olup olmadığna bakmıyorsun. Koşuldaki başka bir hata nedeni ile tek nükleotit girişi yaptığımızda da doğru giriş algılanmıyor.	20
306	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0		45
308	0	0	0	0	0	0	Yapılmamış	8	10	10	0	0	0	28	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 997 nükleotit girişi sağlanabiliyor.	28
311	5	5	15	0	5	30		8	10	10	5	0	2	35	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 49 nükleotit girişi sağlanabiliyor. Alternatif kod üretiminde girilen gen içindeki nükleotitlerin yerini değiştiriyorsun, özellikle gen boyu 1 olduğunda tesadüfen değil koddaki mantık hatasından dolayı girilen gen ile üretilen kod aynı oluyor. Tam rastgeleliği sağlayamamışsın. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	65

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU									
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DIKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
312	5	0	15	25	0	45		0	10	0	0	0	0	10	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmalısın. for döngüsü gen boyu kadar dönmek yerine 1000 kez döndüğü için boş indisler de karşılaştırılıyor bu nedenle döngüden çıkılıyor. while döngüsünü kontrol eden geçerli mi değişkeninin yanlış bir şekilde sıfırlanmasından kaynaklı giriş kontrolü hatalı çalışıyor. "Aa" girişinde bir tane doğru nükleottit olduğu için geçerliliği değişkeni sıfırlandı, sonraki giriş kontrol edilemeden döngüden çıkılıyor. strcpry kısmında compiler hatası alıyorsun, kopyalamak istediğin char i direk U veya A olarak yazamazsın. Bunun dışında da strcpry kullanımın hatalı, bu kısımları yorumla olarak nükleottit sayımın değerlendirilirdi. Ek olarak kontrol bilmeden sayım ve mrna ataması yapmaya çalışman mantıklı olmamış.	55
313	5	0	4	0	0	9	Aşama 3: Dikey tekrarla fonksiyon yazılmış ama kullanılmamış	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleottit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleottit girişi sağlanabiliyor. string ile char karşılaştırması yapmaya çalışmışsın, char karşılaştırması yapmak istiyorsan dizinin elemanlarına teker teker ulaşman lazımdı. while içindeki tanımladığın kodunuzu, mesajla, uyarı ile yanlış kullanmışsın.	9
315	5	4	15	25	0	49	Aşama 2: Sadelik gözétlimemiş	10	10	10	10	8	2	50	Alternatif kodları tutmak için tanımladığın dizi boyutları girilen gen boyundan büyük olduğunda dizi sonu karakteri koymazsan çöp değer atamasından dolayı strcpr de doğru karşılaştırma yapamama durumu oluyor. Bu nedenle Aşama 5 de alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu tam sağlanamıyor. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	99
316	5	0	15	25	5	50		0	0	0	10	8	0	18	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleottit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 19 nükleottit girişi sağlanabiliyor. char karşılaştırması için strcpry kullanımının yanlış. Ek olarak strcpr de 'A' ile 'A' arasındaki farkta tekrar bakmalısın. mrna kısmında koşulu döngü içine almamışsın, i değişkeni bir üstteki for döngüsünün bitimindeki değerde kalmış. Yine burada da cahr karşılaştırmasını yapamıyorsun. mrna için strcat kullanımın çok yanlış. Alternatif kodları tuttuğun dizilerde dizi sonu karakteri atamasını yapmadığın zaman çöp değerlerden dolayı iki dizinin karşılaştırması doğru yapılmıyor.	68
317	4	5	15	0	0	24	Aşama 1:Boşluklandırma hatalı	0	10	10	0	0	0	20		44
320	5	4	15	22	0	46	Aşama 2: Sadelik gözétlimemiş Aşama 4: Gereksiz döngü kullanımı	0	0	10	10	0	0	20	Giriş kontrolünde , ilk hatalı girişten sonra for döngüsü hatalı giriş bulunan indisten dönmeye devam ediyor. For ile sürekli kontrol döngüsünü sağlamak istiyorsan her yeni girişte i değişkenini sıfırlayarak döngüyü baştan başlatman lazım. Ek olarak her yeni girişte gen boyunu hesaplayarak for döngüsünün sınırlarını bu gen boyuna göre ayarlamam lazım. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	66
322	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0		5
324	5	5	15	25	0	50		0	10	4	0	0	0	14	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmalısın. Giriş kontrolünde sadece ilk indis kontrol etmeye çalışıyorsun. Giriş yapılan gen boyunda her indis kontrol etmen lazım . Bunun içinde ek döngü kullanmam ve koşulu buna göre tanımlaman gerekiyor.mrna kısmında char ataması yapmak için strcpry kullanımın yanlış, strlen zaten integer döndürüyor tekrar integer a çevirmene gerek yok. mrna yı yazdırmıyorsun.	64
325	5	0	15	25	5	50		0	10	10	0	0	0	20		70
326	5	5	14	0	5	29	Aşama 3: Bosluklandırma hatalı	0	9	0	5	0	0	14	A nükleottitlerinin sayısını tuttuğun değişkenine "-2" ataması yapmışsın. A için doğru sayım yapamıyorsun. Gen boyunu hesaplamışsın, sayım fonksiyonuna gen boyunu gönderip for döngüsünü gereksiz yere 998 kez döndürmeyi öñleyebilirdin.Alternatif kod üretiminde rand()%3 kullanımından dolayı hiç bir zaman "G" ataması yapamıyorsun buda tam bir rastgelelik sağlanmıyor.	43
327	3	3	8	0	0	14	Aşama 1: Karenin eni ile boyu farklı olmaz Aşama 2: Boyutlar hatalı Aşama 3: Dikeyde sonsuz döngü yapılmış	0	10	6	0	0	0	16	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmalısın. Giriş kontrolünde for döngüsünü i değerine kadar döndürüyorsun ve i değişkeni içinde 0 tutuyor. if koşuluyla yanlış tanımlamışsın . şuan kullandığın döngü yapısında kullandıcandan ikinci değeri aldıktan sonra bu genin indislerini baştan kontrol edemiyorsun. mrna kısmında if içinde karşılaştırmayı "-" ile yapmaya çalıştığın için mrna sadece U lardan oluşuyor. Çünkü karşılaştırmaya yapamıyorsun mrna nın içini dolduruyorsun. Alternatif kodu yaratamıyorsun.rand kullanımına tekrar bakman lazım ve kullandığın for döngülerini gen boyu kadar döndürmelisin.	30
328	5	4	15	25	5	54	Aşama 2: Sadelik gözétlimemiş	10	10	10	10	10	4	54	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	100
331	4	5	15	0	0	24	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0		24
332	3	2	0	0	0	5	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı içi bos yapılmak istenirken kareden taviz verilmiş	5	1	0	0	0	0	6	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmalısın.Girilen gen boyu ile for döngüsünün sınırlarını belirlemek yerine 999 kere döngüyü döndürüyorsun. Bu nedenle genden sonraki boş indislerde sürekli kullandıcandan doğru giriş yapılması isteniyor. Nükleottit sayımında switch case lerde break kullanmamışsın ve default eklememişsin. Yine bu ksmıda da fazladandöngü dönüyor.Sayış olarak kullandığın değişkenleri en başta sıfırlamamışsın.mrna için kullandığın strcpry fonksiyonunda hata var , bu satırlar yorumla alınmadan kodunun diğer kısımları da kontrol edilemiyor.	11
334	5	4	14	0	0	23	Aşama 2: Koşullandırmda hata yapılmış Aşama 3: Bosluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	String alman gerekirken integer olarak tanımladığın değışkene char almaya çalışmışsın. Geçersiz giriş kontrolünde if yapısında kullandığın koşul tanımlı doğru değil, böyle bir kullanım yapamazsın.	23
336	5	4	14	25	5	53	Aşama 2: Döngüler gereksiz kullanılmış Aşama 3: Bosluklandırma hatalı	10	10	10	10	10	2	52	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	100
337	4	0	0	0	0	4	Aşama 1: Bosluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	Aşama-1 i yapmaya çalışmışsın ancak kodunda çok fazla kavramsal eksik ve hata var.	4
338	5	4	15	25	0	49	Aşama 2: Sadelik gözétlimemiş	0	0	0	0	0	0	0		49
340	5	4	15	0	5	29	Aşama 2: Sadelik gözétlimemiş	10	10	10	0	0	0	30		59
341	4	5	0	0	0	9	Aşama 1: Bosluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleottit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda tanımlı dizi en fazla 99 nükleottit girişi alabiliyor ancak zaten kullandıcandan da 1 tane char girişi almışsın. strcpry kullanımına tekrar bakman lazım, şuan aldığın tek char değeri de doğru karşılaştırmamıyorsun	9
343	2	0	0	0	0	2	imlec_xy eklenmemiş çalıştırıldığında doğru sonuç vermiyor	0	10	10	0	0	0	20	Kodun sadece 4 nükleottit girişi alabiliyor. while[1] döngüsünden ckmak için herhangi bir kontrolün olmadığından kodun sonsuz döngüye giriyor. Hatalı giriş kontrolünde ciddi kavramsal eksiklikler var.	22

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU										
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)	
344	2	0	0	0	0	2	Aşama 1: Kare oluşturalımıyor.	0	0	0	0	0	0	0	0	Compiler hataları fazla özellikle mma fonksiyonunda. dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalısın. Kullanıcıdan giriş alamyırsın. char karşılaştırması için strcmp kullanmanın hatalı.Sadece A sayımı yapılmaya çalışılmış ancak o da çalışmıyor .Dizgi tanımlı ve rüklütülmesine tekrar bakmalısın	2
346	5	4	15	25	0	49	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	0	10	0	0	0	0	0	10	Giriş kontrolündeki for döngüsü ilk girişteki gen boyu kadar dönüyor. Yanlış giriş yapıldığında, yanlış girişin alındığı indisten for dönmeye devam ediyor. Öncelikle sadece for döngüsüyle sürekli kontrolü sağlamak istiyorsan her hatalı girişten sonra i değişkenini sıfırlayarak döngüyü baştan başlatman gerekiyor. Ek olarak yeni girişteki genin uzunluğunu hesaplayıp for döngüsüne yeni boyu entegre etmen lazım. Nükleotit hesabını kontrol bittikten sonra doğru giriş için for döngüsü gen boyu kadar dönmek yerine 1000 kez döndüğü için boş indislerde karşılaştırılıyor bu nedenle döngüden çıkamıyor. While içerisindeki koşula tekrar bakmalısın. Her yeni giriş alındığında for döngüsündeki kontrol indisini sıfırlayarak döngüyü tekrar başlatman gerekiyor, yoksa bir kez kontrol ettikten sonra i indisi ilk hatalı nükleotitin oldu yerden devam ediyor.	59
347	5	5	15	0	0	25		0	10	0	0	0	0	10	for döngüsü gen boyu kadar dönmek yerine 1000 kez döndüğü için boş indislerde karşılaştırılıyor bu nedenle döngüden çıkamıyor. While içerisindeki koşula tekrar bakmalısın. Her yeni giriş alındığında for döngüsündeki kontrol indisini sıfırlayarak döngüyü tekrar başlatman gerekiyor, yoksa bir kez kontrol ettikten sonra i indisi ilk hatalı nükleotitin oldu yerden devam ediyor.	35	
348	5	5	15	25	5	55		10	10	10	10	5	2	47	Çok karmaşık bir kodlama tarzı. Kurduğun algoritmanın kod karşılığı fonksiyonlar ve doğru döngü yapıları ile çok daha sade olabilir. Ama sınav heyecanı ile olabilir.Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olmama koşulunu sağlamak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kısıtlamış oluyorsun. Örneğin Alternatif kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, diz ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	100	
349	5	4	14	0	5	28	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	10	4	0	0	0	0	14	Giriş kontrolünde for döngüsü ile ilk kontrolü yapıp hata varsa sayac değişkenini arttırıyorsun. Daha sonra for dan bağımsız while kullanmışsın ve while döngüsünün kontrolünü sayac değişkeni sağlıyor. İlk hatalı girişten sonra bu değişkenin başka bir yerde kontrol eden bir kısım olmadığı için hiç değişmiyor ve kodun while döngüsünden çıkamıyor. Ek olarak while da tekrar giriş alıyorsun ama aldığın değeri kontrol eden bir kod bloğu yok bu nedenle sürekli giriş alınıyor. Bu kısımda mantıksal hata fazla. mRNA kısmındaki for da kullandığın "m" değişkeni yerine "i" değişkeni ile dizgi elemanlarına ulaşmaya çalıştığın için bu kısma çalışmıyor. Bu hata düzeltildiğinde de mRNA için değerlerini farklı bir değişkende tutmak yerine kullanıcıdan aldığın değerler üzerine yazdığın için ve bu durumda if-else yapısı kullanmak yerine arkaya arkaya if yapıları kullanmandan dolayı mma kısımların doğru çalışmıyor. Ör: kullanıcı girişi "G" ise G için 3. if e giriyor, sonra bu değer mma için C olarak değiştiriliyor. Kodun devamında bir alttaki if koşulu da c olup olmadığını kontrol ediyor bu sefer bu koşula da giriyor çünkü sen o elemanı C	42
350	5	0	15	25	5	50		10	10	10	10	1	4	45	Alternatif kod 2 nin alternatif kod1 ile aynı olup olmadığını kontrol ettiğin döngüde kontrol değişkenini ("b") döngü başında sıfırlamadığın için iki kod ilk kez aynı olduktan sonra kod döngüden çıkamıyor. Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olmama koşulunu sağlamak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kısıtlamış oluyorsun. Örneğin Alternatif kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, diz ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	95	
351	5	0	12	0	0	17	Aşama 3: Gereksiz döngü kullanımı var	0	0	0	0	0	0	0	0		17
354	5	0	15	25	0	45		0	10	0	10	0	0	20	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	65	
356	5	5	14	10	0	34	Aşama 3:Boşluklandırma hatalı Aşama 4: Yatayda çıktı alınamıyor	0	4	0	0	0	0	0	4	"A" "T"le "A" arasında farka bakmalısın, burada yaptığın hata nedeni ile geçersiz giriş ve nükleotit sayımı çalışmıyor. Geçersiz giriş kontrolünde for döngüsü 1 kez fazla döndüğü için dizgi sonu karakterinde karşılaştırılıyor, bu nedenle döngüden hiç çıkamıyor. Ek olarak if koşulunu tekrar incelemelisin.mma kısmındaki for 6 kez dönüyor bir üstteki for gibi girilen gen boyutu kadar dönmeliydi.	38
357	2	0	15	25	0	42	Aşama 1: Yıldız yerine boşluk konulmuş	0	10	10	0	0	0	0	20	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabiliyor. for-while kullanımda mantıksal hata var, diz indislerine ulaşımı sağladığın i değişkenin kontrolü doğru yapılmıyor. "ATGa" girişinden sonra "AT" girişi yapılsa bile bunun doğruluğu anlaşılmıyor çünkü kodun i=3 değerinde while döngü içerisinde kalıyor. Ek olarak for döngüsü ilk girişteki genin boyu kadar dönüyor, yeni girişlerde güncellenmiyor. Ayrıca her yeni girişte ilk indisten başlayarak kontrolün sağlanması gerekirken önceki kodun boyunu kullanıyorsun.	62
358	5	5	15	4	0	29	Aşama 4: Yatay hatalı uygulanmış.	0	10	10	0	0	0	0	20		49
359	5	5	15	10	5	40	Aşama 4: Döngü yanlış yapılmış ve Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	0		40
360	2	0	0	0	0	2	Gereksiz döguler var Doğru tek bir satır yazdırılmasına rağmen puan verildi	0	0	0	0	0	0	0	0	dizgi olarak tanımladığın kod değişkeninin içini doldurmak istiyorsan hangi indisi değiştirmek istediğini belirtmelisin. dizgilerde kod="U"; gibi bir atama yapamazsın. strcmp nin kullandırıma tekrar bakman lazım.	2
364	5	5	15	25	0	50		0	10	10	10	10	2	42	Aşama-1 de while içindeki for döngüsü ilk girişteki gen boyutu kadar dönüyor, yeni giriş alındığında gen uzunluğunu güncellemediğin için ikinci girişteki gen sayısı ilk giriştekinden uzunsu tüm elemanları kontrol edemiyorsun. Yani"aa" girişinden sonra "Aaa" girildiğinde doğru olarak kabul ediliyor çünkü son eleman kontrol edilmiyor. While döngüsünden çıkmak için kullandığın koşula mantık hatası var. for döngüsü içindeki kontrolde, geçerli nükleotitlere eşit olmama durumunda for döngüsünden çıkmak gibi bir mantık kullanırsan ve ad değişkenini kontrol edip while den çıkan veya sayac isimli değişkeni yanlış girişlerde if içinde arttırıp onu kontrol etlsen mantıklı olurdu. Sayac değişkenini tanımlamış ama kullanmamışsın. Şuan senin kodunda A,T,G,C ye eşitmi diye bakıyorsun eşitse ve dizgi boyuna ulaşmışsa for dan çıkıyorsun. Burayı tekrar incelemelisin.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, diz ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	92	
366	5	5	14	25	0	49	Aşama 3:Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	0	0	0	30	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	79
368	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0	0		5
370	5	5	15	0	5	30		0	0	0	0	0	0	0	0		30
371	5	0	15	24	0	44	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0	0		44

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU									
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DIKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
372	5	0	14	25	0	44	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	5	10	10	10	0	0	35	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamışsın.Kodundaki geçersiz giriş kontrolü bir kez yapılabilir.	79
374	3	0	0	3	0	6	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı ve kare oluşturulamıyor Aşama 4: Boşluklandırma hatalı doğru kullanılmamış	0	0	0	0	0	0	0		6
375	5	5	12	24	0	46	Aşama 3: Gereksiz döngü kullanımı var	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Sen tek bir char alımı yapmışsın.	46
378	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0	alternatif kod kısmının kendi içinde çalışıp çalışmadığına baktım, maalesef bu şekilde de üretimi sağlayamıyorsun ve iki kodu karşılaştırma mantığın da yanlış. Özellikle karşılaştırmada "=" işareti kullanımı yapamayacağını unutmamışsın. Bunun dışında çok fazla kavramsal hata var.	5
379	5	0	13	0	0	18	Aşama 3: Tekrarlama sayısı hatalı	0	0	0	0	0	0	0	mrna kısmını yapmaya çalışmışsın ancak mantık doğru değil ve çok hatalı.	18
381	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabilir.Geçersiz giriş kontrolünde if yapısında koşul tanımında hata var. char değişkenlerini karşılaştırmak için strcmp kullanmışsın, char karşılaştırmasında strcmp kullanımına tekrar bakmalısın şuan karşılaştırmayı yapamıyorsun. if koşulunun kontrolünü sabit bir sayı kadar yapıyorsun. Yani gen uzunluğu 15 olsa bile sen sadece ilk 10 nükleotiti kontrol etmeye çalışıyorsun. Döngü kullanımı eksikliğinden kodun yanlış giriş yapıldığında tekrar giriş istemiyor.	45
385	5	5	15	25	5	55		0	10	10	10	10	3	43	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamışsın.Geçersiz giriş kontrolünde if koşulu tanımlı yanlış. sayac değişkeni döngü başında sıfırlanmalıydı.Bu kırsmdalı algoritmada mantık hatası var.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmamak gerekir.	98
501	5	0	15	0	0	20		0	10	10	5	0	0	25	Rand fonksiyonunda rastgele atom aralığını yanlış tanımlamışsın. rand()%5 yaptığın için rastgele sayı 4 geldiğinde dizi sonu karakteri ataması yapıyor. Bu nedenle ben gen boyu 7 olan bir giriş yaptığımda senin kodun 2,3 veya 5 uzunluğunda bir rastgele kod üretebilir. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamamız lazım).	45
503	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0		5
504	5	0	15	0	0	20		0	10	3	0	0	0	13	Dizi boyutunu tanımlımayı unutmuşsın. mrna kısmında dizi için ""="" doldurmaya çalıştığın için aşama 3 olması gerektiği gibi çalışmıyor Ayrıca mRNA için değerlerini farklı bir değişkende tutmak yerine kullandıcın aldığın değerin üzerine yazdığın için ve bu durumda if-else yapısı kullanmak yerine arkaya arkaya if yapıları kullanmandan dolayı mrna kısmının doğru çalışmıyor. Ör: kullanıcın girişi "G" ise G için 3. if e giriyor, sonra bu değer mrna için C olarak değiştiriliyor. Kodun devamında bir alttaki if koşulu da c olup olmadığını kontrol ediyor bu sefer bu koşula da giriyor çünkü sen o elemanı C olarak değiştirdin. Bu durumda mRNA da "C" görmemiz gerekirken "G" görüyoruz.	33
506	5	5	15	10	0	35	Aşama 4: Döngü yanlış yapılmış ve Boşluklandırma hatalı	5	10	10	10	0	2	37	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamışsın.Geçersiz giriş kontrolünde hatalı girişten sonra i değişkenini sıfırlayarak for döngüsünü baştanbaşlatman lazım. Şuan kodun ilk karşılaştıran hatalı indisten for döngüsünü devam ettiriyor. Aşama 5 de alternatif kodların aynı olup olmadığını kontrol ettiğin yerde ilk kontrolden sonra aynı olan indise tekrar random sayı atıyorsun ancak bu yeni atanan nükleotidi tekrar kontrol etmiyorsun. İkinci random atanmanın da aynı gelme ihtimali var ki kontrollede aynı kod üretimi gözüldü. Ek olarak alternatif kod 1 ve kod2 de aynı indislerdeki değerleri kontrol etmek yerine (arr[1]- arr[2]) gibi alt2 de atama yapacağın indisi alternatif kod1 in tüm indisleri ile karşılaştırdığın için, kod1 tüm nükleotidleri içerdigi zaman (4 ve 4 ten fazla gen uzunluğunda) kodun sonsuz döngüye giriyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	72
507	5	5	15	0	0	25		0	1	0	0	0	0	1	Giriş kontrolünde strcmp kullanımı hatalı. If içinde kullanılan koşula hata var.Tekrar giriş alındığında i değişkeni sıfırlanarak for döngüsü baştan başlatılmalı. Ek olarak yeni girilen gen boyu hesaplanıp döngü o uzunluğa uygun döndürülmeli. Sayımda strcmp kullanımı hatası var. Yapı kullanıp sayıların sıfırlanmışsın doğru sayım yapamıyorsun.	26
508	5	5	15	0	5	30		0	5	10	0	0	0	15	Nükleotid sayımında gerekli yere uzun döngü kullanımı var. Her nükleotit için ayrı for tanımlayıp bu döngüleri de gen boyu ne olursa olsun 1000 kez döndürüyorsun. mrna kısmında da gen boyu ne olursa olsun 1000 kez döngü döndürüp ekrana boşluk basıyorsun.	45
509	5	0	14	24	0	43	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	10	0	0	0	0	10		53
510	5	0	0	25	0	30		0	0	0	0	0	0	0		30
511	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0		45
512	5	4	15	25	5	54	Aşama 2: Sadelik gözletilmemiş	8	10	10	4	0	1	33	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99nükleotit girişi sağlanabilir.Aşama-4 de while içindeki koşulu yanlış tanımladığın için kodun sonsuz döngüye giriyor. Ek olarak tüm harfleri kullanmak çok efektif bir yöntem değil.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	87
513	5	5	15	0	0	25		0	10	10	0	0	0	20	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 19 nükleotit girişi sağlanabilir. for-while kullanımında mantıksal hata var, i değişkenin kontrolüdeki skıntı yüzünden giriş kontrolü doğru yapılmıyor. İlk skıntı şöyle hem doğru hem yanlış nükleotit çeren bir gen girişi yapıldığında ilk hata girişten sonra i değeri ilk karşılaştıran hatalı nükleotidin index değerinden başlayarak diğer girişleri kontrol etmeye çalışıyor. Bu nedenle "AGU" girişinden sonra "A" girişi yaptığında doğru olduğu fark ediliyor. Kodundaki diğer bir skıntı da şöyle "a" girişi yaptıktan sonra "Aa" girişi yaptığında kod bunu doğru giriş olarak algılıyor çünkü for döngüsü ilk girişteki gen in boyu kadar dönüyor ve yeni girişin boyunun bu kontrol üzerinde bir etkisi yok. Alternatif kod üretimin doğru çalışmıyor. Farklı harf ve sayı çıktıları veriyor. Aslı kodu ve rand sınırları atama mantığını tekrar kontrol etmelisin.	45

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU										
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DIKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)	
514	5	0	15	25	0	45		6	10	10	10	0	2	38	Gen uzunluğu yeni girişte güncellenmediği için geçersiz giriş kontrolü ilk hatayı girişin gen boyutu ile sınırlıyor ("atg" girildikten sonra "ATGU" girildiğinde algılanmıyor). Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmamak gerekir.	83	
515	3	0	10	25	5	43	Aşama 1: Kare yapılamamış Aşama 3: Döngü kullanımı hatalı	0	0	0	0	0	0	0			43
516	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0		20	
517	5	4	0	0	0	9	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş	10	10	10	10	8	2	50	Alternatif kodları tutmak için tanımladığın dizi boyutları girilen gen boyundan büyük olduğunda dizi sonu karakteri koymazsan çöp değer atamasından dolayı strcmp de doğru karşılaştırma yapamamı durumu oluyor. Bu nedenle Aşama 5 de alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu tam sağlanamıyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmamak gerekir.	59	
519	5	5	15	0	0	25		0	10	0	0	0	0	10		35	
520	0	0	0	0	0	0	Kodda hiçbir şey yok	0	0	0	0	0	0	0		0	
521	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit giriş sağlanabiliyor. strcmp kullanımı yanlış, bu fonksiyonun kullanımına tekrar bakmalısın. while içindeki tanımladığın koşulun mantığı yanlış yanlış.	5	
522	5	4	14	0	0	23	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0		23	
523	0	0	0	0	0	0	Parametre atama ve kullanılması konularında büyük hatalar var	0	0	0	0	0	0	0		0	
525	5	0	14	10	0	29	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı Aşama 4: İmleç yönetme yanlış yapmış	0	0	0	0	0	0	0	i değişkenini yanlış yerde sıfırladığın için nasıl bir giriş yapılsa yapısın ilk iki elemanın kontrolünü yapıyorsun, yani "ATU" girişinde U nun geçersiz giriş olduğu fark edilemiyor. i değişkenini sıfırlama mantığı zaten yanlış, ilk giriş hatası olduğunda hatayı giriş algılandıktan sonra i değişkenini sıfırlasanda for döngüsü ikinci dönüşünde olduğu için değişkeni bir arttıracak +1 olarak devam edecek ve bu durumda ikinci/üçüncü girişte (ilk girişten sonraki tüm girişlerde) dizginin ikinci elemanından başlanarak kontrol yapılacaktır. Şuanki hali ilede aynı durum söz konusu ilk hatayı girişten sonra "A" girişi yaptığında doğru giriş algılayamıyor. Ek olarak b değişkenini sıfırlamıyorsun, her girişte b değeri kaldığı yerden artmaya devam ediyor. Bu nedenle döngüden çıkmak için kullandığın b ve gen uzunluğu karşılaştırma mantığın da doğru çalışmıyor.	29	
527	5	5	15	0	0	25		1	10	10	5	5	2	33	Giriş kontrolünde while koşulunda tek eşittir kullanmışsın, k değişkenini sıfıra eşitliyorsun bu yüzden her koşulda döngüden çıkıyorsun. if koşulunu yanlış tanımlamışsın. srand() for döngüsünün başında kullanmışsın bu nedenle alternatif kod üretiminde tam bir rastgele üretim sağlayamıyorsun. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	58	
528	5	5	14	0	5	29	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	5	0	0	0	15	Ayrıca mRNA için değerlerini farklı bir değişkende tutmak yerine kullandıcandan aldığı değerini üzerine yazdığın için ve bu durumda if-else yapısı kullanmak yerine arkaya arkaya if yapıları kullanmaktan dolayı mma kısımları doğru çalışmıyor. Ör: kullanıcı girişi "G" ise G için 3, if e giriyor, sonra bu değer mma için C olarak değiştiriliyor. Kodun devamında bir alttaki if koşulu da c olup olmadığını kontrol ediyor bu sefer bu koşula da giriyor çünkü sen o elemanı C olarak değiştirdin. Bu durumda mRNA da "C" görmemiz gerekirken "G" görüyoruz.	44	
530	5	5	15	0	0	25		0	0	0	0	0	0	0	Kodunda çok fazla compiler hatası var. Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 9 nükleotit giriş sağlanabiliyor. Tüm for döngülerine gene dizisinin son elemanı kadar dönüyor yani çöp değer kadar dönüyor. Giriş kontrolündeki if koşulun hatalı.Geçersiz giriş yapıldığında tekrar giriş alıyorsun. for döngüsü her yenigiristen sonra baştan başlatılmalı.while döngüsündençıkış için kullandığın kont değişkeninin kontrolü hatalı sayacı gibi kullanmışsın. Nükleotit sayımında sayacı tanımlanmamış (compiler hatası) ,for döngüsü önceden belirtilen nedenden dolayı dönemiyor. Sayıların arttırımını yapamamışsın asayıcı+1 gibi bir kullanımın var ayrıca gsayıcı+1 yaptığında gsayı değişkine atıyorsun, o değişkeni 1 arttırmıyorsun. minrada da for döngüsü hatasızgeçerli. strcmp kullanımnın hatalı. strcmp kullanımda iki farklı hata var.	25	
531	5	5	15	25	5	55		10	10	10	10	0	4	44	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın). BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	99	
532	5	0	0	0	0	5		0	0	0	0	0	0	0		5	
533	5	0	15	0	0	20		0	4	0	0	0	0	4	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit giriş sağlanabiliyor. Kodun yanlış girişleri hiçbir şekilde algılayamıyor. Öncelikle for-while konfigürasyonu doğru değil. While için yazdığın koşul mantıklı değil. Nükleotit sayımında strcmp kullanımı doğru değil, strcmp fonksiyonunun kullanımına tekrar bakman lazım.	24	
535	5	0	0	0	0	5		9	10	10	0	0	0	29	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unuttumalısın. Kodunda yorum olarak rand fonksiyonunun hep aynı sayı ürettiğini yazmışsın. Aslında aynı sayı üretmiyor, bir sonraki for döngüsünde printf ile yazdırırken printf("%d","alt1[]"); kullanmışsın ancak for döngüsünün değişkeni "m". Bu satır printf("%d","alt1[m]);" değiştirilse doğru değerleri görürsün. Aynı elemanı ekrana yazdırıldığı için hep aynı sayı ürettiğini düşünmüşsün.	34	
536	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0		20	

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU									
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
537	5	4	15	0	5	29	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	0	0	30	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 199 nükleotit girşi sağlanabiliyor. for-while kullanımda mantıksal hata var. i değişkenini kontroldeki sıkıntı yüzünden girşi kontrolü doğru yapılamıyor. İlk sıkıntı şöyle hem yanlış nükleotit içeren bir gen girşi yapıldığında ilk hatlı girşten sonra i değeri ilk karşılaşılan hatalı nükleotidin index değerinden başlayarak diğer girşleri kontrol etmeye çalışıyor. Bu nedenle "AGU" girşinden sonra "A" girşi yapıldığında doğru olduğu fark edilmiyor. Kodundaki diğer bir sıkıntı da şöyle "a" girşi yaptıktan sonra "Aa" girşi yapıldığında kod bunu doğru girş olarak algılıyor çünkü for döngüsü ilk girşteki gen in boyu kadar döndürür ve yeni girşin boyunun bu kontrol üzerinde bir etkisi yok. Yeni girşin gen boyu da zaten hesaplanmamış. Ek olarak Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	59
540	5	5	15	0	0	25		0	10	10	10	10	4	44	BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	69
541	5	0	15	25	0	45		0	6	6	0	0	0	12	mRNA için değerlerini farklı bir değişkende tutmak yerine kullanımdan aldığı değerleri üzerine yazdığı için ve bu durumda if-else yapısı kullanmak yerine arkaya arkaya if yapıları kullanmadan dolayı mma kısımların doğru çalışmıyor. Ör: kullanıcı girşi "G" ise G için 3. if e giriyor, sonra bu değer mma için C olarak değiştiriliyor. Kodun devamında bir alttaki if koşulu da c olup olmadığını kontrol ediyor bu sefer bu koşula da giriyor çünkü sen o elemanı C olarak değiştirdin. Bu durumda mRNA da "C" görmemiz gerekirken "G" görüyoruz.Aynı nedenden dolayı nükleotit sayımında da C değeri fazla sayılıyor.	57
542	5	0	15	24	0	44	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	6	10	10	10	0	2	38	Girşi kontrolünde ilk hatlı girşten sonra diğer girşi kontrol edilmiyor. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	82
543	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0		45
544	5	5	15	25	0	50		0	0	0	0	0	0	0		50
545	5	2	15	25	0	47	Aşama 2: Koşullandırma hatalı yapılmış	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 3 nükleotit girşi sağlanabiliyor. Geçerli girşi kontrolünde kodun yanlış girşi yapıldığında tekrar girşi istemiyor. For döngüsü içerisinde char alımı yaparak gen girşinin nükleotitlerini teker teker alıp kontrol etmeye çalışıyorsun ancak bu döngü sabit bir değerde döndüğü için gen uzunluğu 1 / 2 olduğunda veya yanlış girşi algılasa bile fazladan girşi bekleniyor ve kod çalışmıyor.	47
546	5	5	15	0	0	25		0	0	10	5	0	0	15	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamalısn. While yapısı içinde kod[] ile kod değişkeninin bir elemanına ulaşmaya çalışmışsın ancak "i" değişkeni çöp değer tutuyor. Yine bu değişkeni kontrol eden bir döngü mekanizması olmadığı için genin tüm nükleotitlerine ulaşımı sağlayamıyorsun. Geçerli girşi kontrol mekanizması çalışsa da kullanımdan yeni girşi istediğinde string değil 1 tane char değeri alılabilecektin. Aşama 4 de Alternatif kod1 üretimi tek nükleotit için tesadüfen değil kullanılan mantık hatası nedeniyle ile genetik kod ile aynı çıkıyor.	40
547	5	5	15	25	0	50		0	0	0	0	0	0	0	dizi boyutu tanımlarken dizi sonu karakterini unutmamalısn.Kullanımdan girşi for döngüsü içinde teker teker char alarak yapıyorsun ve bu döngü 998 kez döndürüyor.Kullanıcı bu boyutta girşi yapmadan kodun devamına geçemiyor.Bu döngünün içinde kullandığın if koşulunda mantık hatası var tekrar bakmalısın. Burası hatalı olduğu için bir alttaki for döngüsünün sonunda doğru bir şekilde belirlenmemiş oluyor. char karşılaştırması için strcmp kullanımı hatalı. Burdaki koşula da tekrar bakmalısın.	50
548	4	0	15	0	0	19	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0		19
550	5	5	15	24	0	49	Aşama 4:Boşluklandırma hatalı	6	10	10	5	5	2	38	do-while yapısının içindeki for döngüsü ilk girilen gen boyu kadar döndürüyor.Kullanımdan yeni girşi aldıktan sonra bu değişkeni güncellemek lazım. Alternatif kodları yaratırken girilen gen içerisinde nükleotit seçiyorsun bu nedenle tam rastgelelik sağlayamıyorsun. Özellikle tek nükleotit girşi yapıldığında Alternatif kodları aynı olduğ için kodun sonsuz döngüye giriyor. Alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor, bu kontrolü de yapmamışsın.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	87
551	5	0	15	24	0	44	Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	5	5	5	5	5	4	29	Alım yaparken dizi sonu karakterini hesaba katmamışsın. strlen fonksiyonu integer döndürüyor tekrar integera çevirmene gerek yok. Geçerli girşi kontrolünde "AUG" girşi yapıldığında kodun bu hatalı girşi algılamıyor çünkü en son girdi doğru ve hata değişkeni bu nedenle sıfırlanıyor, sonuç olarak döngüden çıkıyor. Hatalı girşi algıladıktan sonra for döngüsünü devam ettirmek yerine döngüden çıksan böyle bir sorunu karşılayırmıydın.nükleotit sayımı ve mma üretiminde gerekiz yere döngü kullanımı var. Alternatif kod1 üretiminde tam rastgelelik yok çünkü girilen gendeki nükleotitler kullanılıyor. "AA" girşi yapıldığında alternatif kod1 tesadüfen değil tam rastgelelik olmadığı için aynı çıkıyor. Tam rastgelelik olmadığı için tek tip nükleotit girşinde ya da gen uzunluğu bir olduğunda kodun sonsuz döngüye giriyor çünkü alternatif kod2 üretiminde kod1 den farklı üretim gerçekleştiriyorsun. Alternatif kod1 üretimlerinde de gerekiz yere uzun yapı kullanımı içeriyor. ALTERNATİF KODLARDAYINI MİKTARDA A,T,G,C GEÇMELİDİR DENMEMESİNE RAĞMEN BÖYLE BİR TASARIM YAPMAN RASTGELELİĞİ KISITLAMIS.	73
552	5	4	12	25	0	46	Aşama 2: Sadelik gözetilmemiş Aşama 3: Gerekiz döngü kullanımı var	0	0	0	10	0	0	10	strcmp içinde integer karşılaştırması yapmışsın! Bu fonksiyonun kullanımı ve özellikle "A" & "A" arasındaki farkı incelemelisin Alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor, bu kontrolü yapmamışsın.	56
553	1	0	0	0	0	1	Compile edilemiyor	0	6	10	0	0	0	16	Kodunda çok fazla compiler hatası var! Değişkenleri kodun en başında tanımlaman gerektiğini biliyor olman lazım. for için tanımlarken "i" kullanımı yapamazsın. Girşi kontrolünde while içinde "kod[]" tanımlı yapmışsın ancak i değişkeninin kontrolü yok. Bu değişkeni tanımlarken de içine herhangi bir değeri atamamışsın, bu nedenle çöp değeri içeriyor ve kodda bu çöp değere karşılık gelen kod dizisi indisini bulmaya çalışıyor. Nükleotit sayımında toplamı tuttuğun değışkeni for döngüsü başında sıfırladığın için doğru sayım yapıyorsun. Bu satırları yorumla alırsak bu değışkenleri ilk tanımadığın yerde sıfırlamadığın için bu sefer de çöp değeri üzerine sayım yapıyor. Kullandığın tüm for döngülerini alım yaptığın gen boyu kadar döndürmek yerine girşi ne olursa olsun 999 kere döndürüyorsun.Daha dikkatli olmalısın.srand ve rand fonksiyonun kullanımları galiba karışmış bu kısımda çok büyük bir kavramsal hata var. alternatif kod1/2 kısmın bekleneni karşılamıyor. Alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor, bu kontrolü de yapmamışsın.	17

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU										
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)	
554	5	0	15	22	5	47	Aşama 4: Gereksiz döngü kullanımı	0	0	0	0	0	0	0			47
556	5	5	15	0	5	30		9	10	10	10	10	3	52	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmamalsın.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	82	
558	4	5	15	25	5	54	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı	10	10	10	10	5	4	49	Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olmama koşulunu sağlamak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kıstamışsın oluyorsun. Örneğin Alternatif Kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor. BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	100	
559	5	4	15	25	0	49	Aşama 2: Sadelik gözeltmemiş	0	0	0	0	0	0	0	Değişken isimleri ve yanlış dizgi kullanımlarından kaynaklı kodunda compiler hataları mevcut. Kullanıcıdan doğru bir şekilde dizgi alamıyorsun. scanf ile char alımı yapmışsın bunu da 1000 kez dönen bir for döngüsüne koymuşsun.Ek olarak döngüden önce de bir alm yapıyorsun 1000 nükleotit girmeden aşağılara geçemiyor kodun. strcmp kullanımında hata var, char karşılaştırmak istiyorsan nasıl bir kullanım yapman gerektiğine bakmalısın. Geçersiz bir giriş alındığında kullanıcadan yeni girdi aldıktan sonra kontrol fonksiyonunu tekrar çağırman gerekiyordu(ki tane aynı if yapmışsın alta koyarak döngüyü sağlamıyarsın.) Kodun başında yeni tutması için tanımladığın kod dizisini yıldız karakteri ile dolduruyorsun. Kontrol fonksiyonunda da girilen gen boyunu kullanmak yerine for döngüsünü 999 kez döndürüyorsun. Otomatikman gen girişinden sonraki elemanların kontrolinde yıldız karakteri ile karşılaşıldığı için kodun her giriş için geçeriz giriş algılıyor. Nükleotit sayımında da sıkıntılar var.	49	
560	5	0	14	25	0	44	Aşama 3:Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0			44
561	5	4	14	24	0	47	Aşama 2: Sadelik gözeltmemiş Aşama 3: Boşluklandırma hatalı Aşama 4: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	1	0	0	21	Aşama-4 de ilk olarak girilen gen içeresinden seçim yapman tam rastgeleliği sağlamıyor. Diğer bir nokta ise rand fonksiyonun 1,2,3,4 sayılarını rastgele atıyor ancak girilen gen uzunluğu 4 den az ise nükleotit olmayan indislerden değer çekmeye çalışıyorsun. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu tam olarak sağlanmıyor burada koşul yapılan ile bunu kontrol edip aynı ise tekrar üretmen lazımdı. rand fonksiyonun sınırlarının farklı olması bu koşulu sağlamıyor ve zaten girilen genetik kod içeresindeki nükleotitlerden seçim yapıyorsun.	68	
562	3	0	0	7	0	10	Aşama 1: Kare yerine üçgen yapılmış Aşama 4: Döngü yanlış yapılmış ve Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0			10
563	5	5	15	0	0	25		0	0	0	0	0	0	0			25
564	5	5	15	4	5	34	Aşama 4: Dongu yanlış yerde kullanılmış.	-5	10	10	10	0	0	25	goto kullanımı konusunda dönem başından beri uyarılar yapıyoruz. goto'ların sayısı arttıkça kodda okunurluk ve geliştirilebilirlik büyük darbe alıyor. Bu nedenle Aşama 1 den puan alamadın ve ekstra puan kaybettin. Ek olarak Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	59	
565	5	0	15	25	0	45		0	0	0	0	0	0	0	Kodunda ciddi kavramsal hatalar var. Giriş kontrolünde dizinin içi dolunu boş mu bunu kontrol etmeye çalışmışsın. Doluya giriş hatalı diyorsun.Kodun sonus döngüye giriyor. Kullanıcı girdi yapmasa girdi olmadı için kod devam etmiyor. Giriş yapsa dizinin içi dolu diye tekrar giriş isteniyor. Kullanıcıdan girdi alıy yöntemin enteresan. Nükleotid sayımında strstr kullanımı mantıklı değil.	45	
567	4	0	14	17	0	35	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı Aşama 3: Boşluklandırma hatalı Aşama 4: Boşluklandırma hatalı ve yatay girdisi kullanılmamış.	0	0	0	0	0	0	0			35
568	5	0	14	0	0	19	Aşama 3:Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0			19
569	5	0	14	0	0	19	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	0	0	0	0	0	0			19
570	4	0	10	25	0	39	Aşama 1: Boşluklandırma hatalı Aşama 3: Boşluklandırma hatalı ve dikey girdisi kullanılmamış	0	10	10	10	5	2	37	Alternatif kod-2 üretiminde Alternatif kod-1 ile aynı olmama koşulunu sağlamak amacıyla yaptığın kontrolde iki kodunda tüm indislerini karşılaştırarak aynı olmasını sağlamışsın. Bu durumda Alternatif kod-2 nin rastgeleliğini kıstamışsın oluyorsun. Örneğin Alternatif Kod-1 ATAG ise alternatif kod-2 ATAC olamıyor.BONUS'tan5 almak için fonksiyon, dizi ve yapının üçünü de etkin olarak kullanmak gerekir.	76	
571	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0			20
572	5	5	14	0	5	29	Aşama 3: Boşluklandırma hatalı	0	10	10	10	0	0	30	Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	59	
574	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0			20
575	5	4	15	0	0	24	Aşama 2: Sadelik gözeltmemiş	6	10	5	5	0	0	26	Geçersiz giriş kontrolünü doğru nükleotit sayı ve gen boyu karşılaştırmasına göre yaptığın için bu değerleri tutan a,b,c,d değişkenleri döngü başında sıfırlaman gerekiyor. mRNA için değerlerini farklı bir değişkende tutmak yerine kullanıcadan aldığın değerin üzerine yazdığın için ve her bir kontrol için ayrı for döndürdüğün için G-C nükleotitlerinde sorun çıkıyor. Öc. kullanıcı girişi "GT" ise G için dizgi C olarak değiştiriliyor. Kodun devamında bir alttaki döngü de c olup olmadığını kontrol ediyor bu sefer bu koşula da giriyor çünkü sen o elemanı C olarak değiştirdin. Bu durumda mRNA da "C" görmemiz gerekirken "G" görüyoruz. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	50	
577	1	0	0	0	0	1	Doğru düzgün tek satır bile yazdırılmamış	0	0	0	0	0	0	0			1
578	1	0	0	0	0	1	Aşama 1: Sadece satır yazdırılmış	0	0	0	0	0	0	0			1
580	5	0	15	0	0	20		0	0	0	0	0	0	0			20
584	1	2	0	0	0	3	Aşama 1: Kare yazdırılmıyor ve hatalar var Aşama 2: İçi yapılmaya çalışılmış	0	0	0	0	0	0	0	Girilecek DNA kodunun min.1 max. 999 nükleotit içereceği soruda belirtilmişti. Kodunda en fazla 99 nükleotit girişi sağlanabiliyor. char karşılaştırması için strcmp kullanımın hatalı. While içersindeki koşul tanımına tekrar bakmalısın.	3	

SORU1 - KARE ÇİZDİRME SORUSU							SORU2 - GENOMİK ANALİZ SORUSU									
Ders No	Aşama 1 (5) KARE	Aşama 2 (5) İÇİ BOŞ	Aşama 3 (15) DİKEY TEKRAR	Aşama 4 (25) YATAY TEKRAR	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	Aşama 1 (10) KODU ALMAK	Aşama 2 (10) SAYIM	Aşama 3 (10) mRNA	Aşama 4 (10) ALTERN KOD1	Aşama 5 (10) ALTERN KOD2	Bonus (5)	TOPLAM	ASİSTAN/DERSİN HOCASI AÇIKLAMASI	TOPLAM (100 ÜZERİNDEN)
585	5	0	15	25	0	45		5	6	0	4	0	0	15	dizgi boyutu tanımlarken dizgi sonu karakterini unutmalısın. Geçersiz girişkontrolünde char karşılaştırması için strcmp kullanımnın hatalı: "A" ile "a" arasındaki farka da bakmalısın. Geçersiz giriş kontrolünü doğru nükleotit sayı ve gen boyu karşılaştırmasına göre yaptığın için bu değerleri tutan sayacı değişkenlerini döngü başında sıfırlaman gerekiyordu. Bir hatalı girişten sonra bu değerler sürekli arttığı için doğru girişede hatalı algılanıyor .mrna üretiminde yine strcmp kullanımı hatalı buna ek olarak strcmp kullanımı da hatalı. Alternatif kod üretiminde rand()%4+1 yaptığın için kodlar dizisinde kodlar[4] değeri aranıyor ama böyle bir indis yok.Alternatif kpd yazdırırken char/string kavramı karışmış. Aşama 5 de üretilen alternatif kod2 nin alternatif kod1 den farklı olma koşulu sağlanmıyor (bu kontrolü yapmamışsın).	60
589	2	0	0	0	0	2	Aşama 1: Sadece satır yazdırılmış	0	0	0	0	0	0	0		2
ORT																42,96