

ĐẠI HỌC QUỐC GIA THÀNH PHỐ HỒ CHÍ MINH  
TRƯỜNG ĐẠI HỌC BÁCH KHOA  
KHOA KHOA HỌC VÀ KỸ THUẬT MÁY TÍNH



Nhập môn lập trình - CO1003

---

Bài tập lớn

**MẬT MÃ DNA CỦA NHÀ KHOA HỌC LẬP DỊ**

---

# ĐẶC TẢ BÀI TẬP LỚN

## Phiên bản 1.0

## 1 Chuẩn đầu ra

Sau khi hoàn thành bài tập lớn này, sinh viên ôn lại và sử dụng thành thực:

- Các cấu trúc rẽ nhánh
- Các cấu trúc lặp
- Mảng 1 chiều và mảng 2 chiều
- Xử lý chuỗi ký tự
- Hàm và lời gọi hàm
- Cấu trúc do người dùng tự định nghĩa (Struct)

## 2 Dẫn nhập

Trong một thành phố tương lai nơi khoa học và công nghệ thống trị, xuất hiện một nhân vật bí ẩn được gọi là Bác Học X. Ông vốn là một nhà di truyền học thiên tài, nhưng sau một thí nghiệm thất bại, tâm trí trở nên méo mó và đầy tham vọng điên rồ. Tin rằng loài người quá yếu đuối, Bác Học X quyết định “nâng cấp” nhân loại bằng cách can thiệp trực tiếp vào bản đồ gene. Ông phát minh ra một hệ thống mã hóa codon lạ thường, biến các chuỗi DNA tự nhiên thành những gene đột biến, từ đó tạo ra các sinh vật quái vật nửa người, nửa dã thú.

Các vụ tấn công bí ẩn nhanh chóng gieo rắc nỗi kinh hoàng khắp thành phố. Tại hiện trường chỉ còn sót lại những mảnh DNA kỳ lạ, sắp xếp thành chuỗi base A, T, C, G (hoặc đôi khi thay bằng U – RNA). Người dân gọi đó là “mã gene của quái vật”. Trước hiểm họa lan rộng, một nhóm sinh viên tài năng được triệu tập với nhiệm vụ giải mã hệ thống gene của Bác Học X, phát hiện các codon đột biến, và viết chương trình để phân tích – mô phỏng quá trình dịch mã gene thành protein.

Mục tiêu cuối cùng của họ là tìm ra gene gốc có thể đảo ngược đột biến, cứu lấy thành phố trước khi quá muộn. Thành công hay thất bại phụ thuộc hoàn toàn vào khả năng lập trình, tư duy giải thuật và sự am hiểu về cấu trúc DNA. Câu hỏi đặt ra: Liệu bạn có thể bẻ khóa di sản của Bác Học X trước khi những sinh vật quái vật chiếm lĩnh thế giới?

### 3 Yêu cầu

Để giải mã và ngăn chặn âm mưu của gã bác học điên, hệ thống cần có khả năng phân tích và xử lý các đoạn mã gene mà hắn để lại. Những đoạn mã này dựa trên nguyên lý DNA thật với bốn bazơ cơ bản (A, T, C, G), kết hợp thành các bộ ba codon tạo nên chuỗi gene và cấu trúc protein. Chỉ một đột biến nhỏ – ví dụ một codon bị thay đổi – cũng có thể dẫn đến những biến đổi lớn, gây hậu quả nghiêm trọng cho sinh vật mang gene đó.

Mục này đồng thời nêu ra các yêu cầu để sinh viên xây dựng hệ thống xử lý chuỗi gene bằng cách hiện thực các hàm được mô tả. Mỗi yêu cầu kèm số điểm, thể hiện mức tối đa có thể đạt nếu sinh viên cài đặt chính xác.

#### 3.1 Kiểu của câu lệnh

Hệ thống sẽ tự động nhận các yêu cầu của người dùng và chuyển thành các câu lệnh để xử lý. Hệ thống sẽ bao gồm các lệnh sau, cùng với các giá trị thuộc Enum **commandType** tương ứng:

Yêu cầu (Keyword)	Giá trị Enum tương ứng
Sanitize the code	SANITIZE
Validation check	CHECK
Find the complement sequence	COMPLEMENT
Find the mRNA sequence	MRNA
Encode	ENCODE
Decode	DECODE
Create the table	CREATE
Print the gene table	PRINT
Detect a mutation	MUTATION
Repair the mutated gene	REPAIR
Reverse	REVERSE
Find the longest gene	LONGEST
Find the shortest gene	SHORTEST
Print the DNA pipeline	PIPELINE
Invalid command	INVALID

Bảng 1: Danh sách các chức năng xử lý chuỗi GENE

**Yêu cầu 1 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **getCommandType** để trả về loại của câu lệnh, thông tin cụ thể:

- Khai báo hàm: `enum commandType getCommandType(char* command)`
- Tham số đầu vào:

– **command (kiểu char\*)**: chuỗi chứa một lệnh.

- **Trả về**: giá trị trả về có kiểu là **commandType** tương ứng với kiểu của lệnh command được truyền vào.
- **Yêu cầu hàm**: Gọi  $w$  là từ đầu tiên xuất hiện trong câu lệnh. Nếu  $w$  trùng với một trong kiểu câu lệnh được mô tả ở trên thì trả về giá trị enum **commandType** tương ứng. Ngược lại,  $w$  là một từ không hợp lệ thì trả về giá trị **INVALID**. Lưu ý, các lệnh không biệt chữ hoa và chữ thường. Xem ví dụ 3.1 để hiểu rõ hơn.

### Ví dụ 3.1

- Với lời gọi hàm

```
getCommandType("Encode the first GENE")
```

Trả về giá trị

```
ENCODE
```

- Với lời gọi hàm

```
getCommandType("Check the validation of the gene is the first step!")
```

Trả về giá trị

```
CHECK
```

- Với lời gọi hàm

```
getCommandType("Print the full detailed table.")
```

Trả về giá trị

```
PRINT
```

- Với lời gọi hàm

```
getCommandType("Let's solve the gene's secret code.")
```

Trả về giá trị

```
INVALID
```

## 3.2 Kiểm tra tính hợp lệ của Gene

Sinh viên cần hiện thực hai hàm: **sanitizeCode** và **validCheck** nhằm kiểm tra cấu trúc và tính hợp lệ sinh học của một chuỗi DNA.

Cụ thể, hàm **sanitizeCode** sẽ tiếp nhận đầu vào **codes** là một chuỗi ký tự biểu diễn DNA của một gene nhưng có thể đã bị nhiễm bởi các ký tự không hợp lệ (gã bác học cố tình chèn thêm để gây khó khăn trong việc phân tích!). Nhiệm vụ của sinh viên là làm sạch chuỗi này trước khi tiến hành kiểm tra bằng hàm **validCheck**.

### 3.2.1 Chuẩn hoá DNA

Một chuỗi DNA hợp lệ cần tuân thủ các điều kiện sau:

- Chỉ bao gồm các ký tự hợp lệ, ngoài các ký tự dưới đây, tất cả ký tự khác được xem là đặc biệt và phải loại bỏ:
  - Các ký tự thường: [a, c, g, t] (cần được chuyển đổi thành ký tự in hoa tương ứng [A, C, G, T]).
  - Các ký tự in hoa: [A, C, G, T].
  - Các ký tự đặc biệt (ngoài chữ và số) có thể xuất hiện trong đoạn mã nhiễu: ! @ # \$ % - \_ & \* ?
- Độ dài chuỗi được đảm bảo nằm trong khoảng [1, 300] ký tự.

**Yêu cầu 2 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **sanitizeCode** để làm sạch chuỗi gene. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void sanitizeCode(char *codes, char *output)`
- Tham số đầu vào:
  - **codes** (kiểu `char*`): mã DNA có thể chứa ký tự không hợp lệ.
  - **output** (kiểu `char*`): con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- Trả về:
  - Chuỗi DNA của gene sau khi đã được làm sạch, loại bỏ toàn bộ ký tự đặc biệt.

### 3.2.2 Xác minh gene hợp lệ

Một chuỗi gene chỉ được xem là hợp lệ khi đáp ứng các tiêu chí sau:

- Chuỗi có độ dài  $\geq 9$ . Có ít nhất ba bộ codon.
- Độ dài của chuỗi chia hết cho 3.
- Gene hợp lệ phải bắt đầu bằng codon **ATG** và kết thúc bằng một trong ba codon sau:

- TAA
- TAG
- TGA

**Yêu cầu 3 (0.7 điểm):** Hiện thực hàm **validCheck** để kiểm tra tính hợp lệ của gene.  
Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `bool validCheck(char * codes)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **codes (kiểu char\*):** chuỗi DNA cần kiểm tra.
- **Yêu cầu:**
  - Trước hết sử dụng hàm **sanitizeCode** để loại bỏ ký tự không hợp lệ.
  - Tiếp theo kiểm tra cấu trúc của chuỗi theo các quy định nêu trên để xác định tính hợp lệ.
- **Trả về:**
  - Nếu chuỗi DNA hợp lệ, trả về giá trị **TRUE** và in ra:

VALID GENE

- Nếu độ dài của chuỗi `== 1`, trả về **FALSE** và in ra:

INVALID  
TYPE: BASE

- Nếu độ dài của chuỗi `== 3`, trả về **FALSE** và in ra:

INVALID  
TYPE: CODON

- Trong các trường hợp còn lại, trả về **FALSE** và in ra:

INVALID CODE

### Ví dụ 3.2

- Với mã codes

"ATGAAATAA"

`validCheck(codes)` trả về giá trị

VALID GENE

- Với mã codes

"A-TG@@ata-TAG??!!"

`validCheck(codes)` trả về giá trị

VALID GENE

- Với mã codes

"AAA@@ATG-TAG\_\_!"

`validCheck(codes)` trả về giá trị

INVALID CODE

- Với mã codes

"??\_\_A@@!!"

`validCheck(codes)` trả về giá trị

INVALID  
TYPE: BASE

## 3.3 Biểu diễn DNA dưới dạng bổ sung và mRNA

Sinh viên cần hiện thực hai hàm: `generateComplement` và `generateMRNA` để biểu diễn các dạng chuyển đổi cơ bản của một chuỗi DNA. Đây là bước quan trọng giúp làm rõ cơ chế



sinh học tự nhiên trước khi tiến hành các phép biến đổi phức tạp hơn của gã bác học.

Cụ thể, hàm **generateComplement** tiếp nhận chuỗi DNA gốc **codes** và tạo ra chuỗi bổ sung dựa trên nguyên tắc bắt cặp bazơ. Sau đó, hàm **generateMRNA** thực hiện quá trình phiên mã bằng cách sử dụng chuỗi bổ sung (template strand) để sinh ra chuỗi mRNA tương ứng.

Từ một chuỗi DNA đầu vào, hệ thống sẽ sinh ra hai dạng biểu diễn phục vụ phân tích:

- **Chuỗi bổ sung (Complement sequence):** được xác định dựa trên nguyên tắc bắt cặp bazơ:

$$A \leftrightarrow T, \quad C \leftrightarrow G$$

- **Chuỗi mRNA (mRNA sequence):** được phiên mã từ chuỗi bổ sung theo quy tắc:

$$A \rightarrow U, \quad T \rightarrow A, \quad C \rightarrow G, \quad G \rightarrow C$$

Hai phép biến đổi này cho phép quan sát DNA ban đầu dưới hai dạng song song: *Complement sequence* và *mRNA sequence*, từ đó hỗ trợ phân tích và giải mã gene một cách trực quan và hiệu quả hơn.

**Yêu cầu 4 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **generateComplement** để sinh ra chuỗi bổ sung của DNA. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `void generateComplement(char *codes, char *output)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **codes** (kiểu `char*`): chuỗi DNA gốc.
  - **output** (kiểu `char*`): con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- **Yêu cầu:**
  - Trước hết sử dụng hàm **validCheck** để kiểm tra tính hợp lệ của chuỗi DNA.
  - Sau đó, tạo chuỗi bổ sung theo nguyên tắc bắt cặp bazơ.
- **Trả về:**
  - Nếu mã hợp lệ, trả về chuỗi bổ sung.
  - Nếu mã không hợp lệ, trả về chuỗi gốc.

**Yêu cầu 5 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **generateMRNA** để sinh ra chuỗi mRNA từ DNA gốc. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void generateMRNA(char *codes, char *output)`
- Tham số đầu vào:
  - `codes` (kiểu `char*`): chuỗi DNA hợp lệ cần được phiên mã.
  - `output` (kiểu `char*`): con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- Yêu cầu:
  - Gọi hàm **generateComplement** để lấy chuỗi bổ sung.
  - Dựa trên chuỗi bổ sung, tạo ra chuỗi mRNA theo quy tắc ánh xạ.
- Trả về:
  - Chuỗi mRNA thu được sau phiên mã.

### Ví dụ 3.3

- Với mã codes

"ATGAAATAA"

generateComplement trả về

"TACTTTATT"

generateMRNA trả về

"AUGAAAUAA"

- Với mã codes

"CGTACG"

generateComplement trả về

"GCATGC"

generateMRNA trả về

"CGUACG"

- Với mã codes

"ATGCGTACGTTTAAA"

generateComplement trả về

"TACGCATGCAAATTT"

generateMRNA trả về

"AUGCGUACGUUUAAA"

### 3.4 Mã hoá và Giải mã Gene

Sinh viên cần hiện thực hai hàm: **encode** và **decode** nhằm xử lý việc mã hoá và giải mã gene, qua đó hiểu rõ hơn cơ chế ẩn giấu thông tin mà gã bác học quái dị đã áp dụng.

Cụ thể, hàm **encode** tiếp nhận đầu vào **codes** là một mã gene thô (raw) chưa qua kiểm tra tính hợp lệ. Nhiệm vụ của sinh viên là biến đổi chuỗi gốc này thành mã đặc biệt theo quy tắc riêng của gã bác học. Ngược lại, hàm **decode** phục hồi chuỗi gốc ban đầu từ mã đặc biệt đó.

Dựa trên các tài liệu rời rạc thu thập được trong phòng thí nghiệm, ta có thể tái dựng tương đối chính xác cách gã bác học đã sử dụng để biến đổi DNA thường thành DNA đặc biệt. Quy tắc cụ thể như sau:

- Chuỗi DNA cần được làm sạch và kiểm tra hợp lệ bằng hàm **validCheck** trước khi thực hiện hai tác vụ này.
- Quá trình mã hoá được thực hiện theo từng **codon** (bộ 3 base) trong chuỗi DNA, lần lượt từ trái sang phải.
- Công thức mã hoá cho một codon (3 base) có dạng **XXYYYY**, trong đó:
  - a) **XX** được xác định dựa trên base đầu tiên của codon:
    - \* Base A  $\rightarrow$  65
    - \* Base C  $\rightarrow$  67
    - \* Base G  $\rightarrow$  71
    - \* Base T  $\rightarrow$  84
  - b) **YYYY** được tính từ hai base còn lại theo công thức:

$$YYYY = [(2nd\ base * 31) + (3rd\ base * 37)] \% 10000$$

trong đó **base** là mã ASCII của ký tự tương ứng.

**Yêu cầu 6 (0.9 điểm):** Hiện thực hàm **encode** để mã hoá gene. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `void encode(char *codes, char *output)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **codes** (kiểu `char*`): chuỗi DNA gốc.
  - **output** (kiểu `char*`): con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- **Yêu cầu:**

- Gọi hàm **validCheck** để kiểm tra tính hợp lệ của chuỗi DNA.
- Nếu hợp lệ, tiến hành mã hoá từng bộ codon (3 base) theo quy tắc đã mô tả.

- **Trả về:**

- Nếu chuỗi hợp lệ, trả về chuỗi gene đặc biệt sau khi mã hoá.
- Nếu không hợp lệ, trả về chuỗi gốc.

- **Ví dụ:** Xem ví dụ 3.4.

**Yêu cầu 7 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **decode** để giải mã gene. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `void decode(char *codes, char *output)`

- **Tham số đầu vào:**

- **codes (kiểu char\*):** chuỗi gene đặc biệt cần được giải mã. Chuỗi đầu vào đảm bảo hợp lệ (chỉ chứa ký tự số, chiều dài hợp lý, v.v.).
- **output (kiểu char\*):** con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.

- **Trả về:**

- Chuỗi DNA gốc được phục hồi theo quy tắc giải mã.

- **Ví dụ:** Xem ví dụ 3.5.

### Ví dụ 3.4

- Với codes

"ATG"

validCheck và encode trả về

INVALID  
TYPE: CODON  
ATG

- Với codes

"A-TG@@ata-TAG??!!"

validCheck và encode trả về

VALID GENE  
"655231655009844642"

- Với codes

"AAA@@ATG-TAG\_\_!"

validCheck và encode trả về

INVALID CODE  
AAAATGTAG

- Với codes

"??\_\_A@@!!"

validCheck và encode trả về

INVALID  
TYPE: BASE  
A

### Ví dụ 3.5

- Với codes

"655231654420844420"

decode trả về

"ATGAAATAA"

- Với codes

"655231655009844642"

decode trả về

"ATGATATAG"

- Với codes

"655231674482715712654704844420"

decode trả về

"ATGCCAGTTACGTAA"

- Với codes

"655231714680655009675185844642"

decode trả về

"ATGGGCATACCTTAG"

**Lưu ý:** Khi in ra kết quả, sinh viên cần đảm bảo **CHÍNH XÁC TUYỆT ĐỐI** từng ký tự như mô tả. Sai khác chỉ một ký tự (kể cả khoảng trắng thừa) cũng sẽ bị tính là sai testcase.

### 3.5 Cấu trúc Gene

Sau khi giải mã được một phần các chuỗi gene kỳ lạ trong phòng thí nghiệm bí ẩn, nhóm nghiên cứu phát hiện rằng ngoài thông tin về cơ chế mã hoá – giải mã, gã bác học quái dị còn để lại một kho dữ liệu chứa nhiều gene đột biến đặc biệt. Những gene này được hán dự định tiêm vào các thí nghiệm của mình nhằm tạo ra những sinh vật vượt ngoài tầm kiểm soát.

Nhiệm vụ của chúng ta không chỉ dừng lại ở việc giải mã gene, mà còn cần phát hiện và khắc phục các gene đột biến này trước khi chúng kịp được sử dụng. Để làm được điều đó, trước tiên sinh viên cần xây dựng một cấu trúc dữ liệu **struct Gene** để lưu trữ thông tin gene.

**Yêu cầu 8 (0.5 điểm):** Hiện thực cấu trúc **struct Gene**, chi tiết như sau:

- Khai báo cấu trúc: **struct Gene{}**
- Các trường trong cấu trúc:
  - **name** (kiểu **char[]**): tên gene.
  - **org\_seq** (kiểu **char[]**): chuỗi DNA gốc của gene.
  - **length** (kiểu **int**): độ dài chuỗi DNA gốc.
  - **encoded\_seq** (kiểu **char[]**): chuỗi DNA đã được mã hoá đặc biệt.
  - **complement\_seq** (kiểu **char[]**): chuỗi DNA bổ sung.
  - **mrna\_seq** (kiểu **char[]**): chuỗi mRNA tương ứng.

#### Ví dụ 3.6

Ví dụ về cách sử dụng đối tượng **struct Gene**:

```
1 struct Gene gene;  
2 char *encoded_gene = encode(gene.org_seq);
```

### 3.6 Bảng tổng hợp các Gene

Bảng này lưu trữ thông tin của tất cả các gene đã được nghiên cứu cho đến thời điểm hiện tại. Giả sử ta có  $N$  gene đã biết, khi đó những phiên bản gene còn lại (không nằm trong danh sách) sẽ được xem là gene đột biến do gã bác học tạo ra. Nhiệm vụ tiếp theo là đưa danh sách gene này vào hệ thống lưu trữ.



### 3.6.1 Đọc bảng Gene

**Yêu cầu 9 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **createTable** để đọc thông tin của toàn bộ gene hiện có vào một bảng dữ liệu chung. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `int createTable(struct Gene * emptyTable, char ** geneInfo)`
- Tham số đầu vào:
  - **emptyTable** (mảng **struct Gene**): danh sách rỗng, nơi sẽ được ghi dữ liệu gene từ **geneInfo**.
  - **geneInfo** (kiểu **char\*\***): mảng hai chiều chứa chuỗi DNA của các gene. Mỗi phần tử ứng với một gene. Phần tử cuối cùng trong danh sách sẽ là **NULL** để đánh dấu kết thúc.
  - **Lưu ý:** Mã gene đầu vào luôn đảm bảo hợp lệ. Tuy nhiên, có thể xuất hiện cả dạng gốc (ACGT) lẫn dạng đặc biệt (format **XXYYYY**). Nếu gặp dạng đặc biệt, cần giải mã về dạng gốc trước khi lưu.
- Yêu cầu:
  - Với mỗi chuỗi DNA trong **geneInfo**, tạo một đối tượng **Gene** và thêm vào bảng.
  - Tên gene sẽ được đặt lần lượt từ "G1" đến "GN", với *N* là số lượng gene trong danh sách.
  - Ngoài chuỗi DNA gốc, cần bổ sung đầy đủ các thuộc tính còn lại: độ dài gene, chuỗi mã hoá đặc biệt, chuỗi bổ sung, và chuỗi mRNA.
  - **Lưu ý:** Mã gene đầu vào có thể ở dạng gốc hoặc dạng đặc biệt. Nếu là dạng đặc biệt, bắt buộc phải được chuyển đổi về chuỗi DNA gốc trước khi lưu.
- Trả về:
  - Trả về số lượng gene được thêm vào danh sách.

### Ví dụ 3.7

Ví dụ về danh sách `geneInfo`:

```
1 char *geneInfo[] = {  
2     "ATGCGTACGTAA",  
3     "ATGTTTCCCTAA",  
4     "ATGAAATGA",  
5     "ATGCGTGGGCTAATAG",  
6     "ATGCGCTGA",  
7     NULL  
8 };
```

#### 3.6.2 In bảng Gene

**Yêu cầu 10 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **printTable** để in toàn bộ thông tin của các gene trong bảng. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void printTable(struct Gene * geneTable, int count)`
- Tham số đầu vào:
  - `geneTable` (mảng `struct Gene`): danh sách các gene cần in.
  - `count` (kiểu `int`): số lượng gene trong danh sách.
- Yêu cầu:
  - In ra bảng thông tin gene theo đúng định dạng được chỉ định.
  - Cần đảm bảo căn chỉnh chính xác theo format mẫu.
- Format output (mẫu):

No.	Gene Name	DNA Sequence
1	G1	ATGCGTACGTAA
2	G2	ATGTTTCCCTAA
3	G3	ATGAAATGA
4	G4	ATGCGTGGGCTAATAG
5	G5	ATGCGCTGA

Bảng 2: Sample gene table

### 3.7 Đột biến Gene

Nhiệm vụ tiếp theo là phát hiện những gene đột biến trong dữ liệu thí nghiệm hiện tại, từ đó điều chỉnh và khôi phục chúng về dạng gốc, nhằm ngăn chặn nguy cơ lan truyền các chuỗi gene độc hại trong thí nghiệm của gã bác học.

#### 3.7.1 Kiểm tra Gene đột biến

**Yêu cầu 11 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **isMutated** để kiểm tra một gene có phải là gene đột biến hay không. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `int isMutated(struct Gene gene, struct Gene * geneTable, int count)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **gene (struct Gene):** đối tượng gene cần kiểm tra.
  - **geneTable (mảng struct Gene):** danh sách các gene bình thường đã biết.
  - **count (int):** số lượng gene trong danh sách.
- **Yêu cầu:**
  - Gene đột biến được định nghĩa là gene không xuất hiện trong bảng thông tin các gene bình thường.
  - Hàm cần so sánh chuỗi **org\_seq** của gene cần kiểm tra với danh sách **geneTable**.
- **Trả về:**
  - Trả về 1 nếu gene là gene đột biến.
  - Trả về 0 nếu gene thuộc danh sách gene bình thường.

### Ví dụ 3.8

- Với chuỗi gene

"ATGCGTACGTAA"

Dựa vào Bảng 2, `isMutated` trả về

"0"

- Với chuỗi gene

"ATGCGTACGAAATTACTATAA"

Dựa vào Bảng 2, `isMutated` trả về

"1"

### 3.7.2 Sửa đổi Gene đột biến

Sinh viên cần hiện thực hai hàm **findMutatedCodon** và **repairMutation** để phát hiện và khôi phục các codon bị đột biến trong một gene. Các hàm nhận vào một đối tượng **Gene** và chỉnh sửa trực tiếp chuỗi **sequence** theo gene gốc cùng các quy tắc sau:

- Cần xác định vị trí codon bị đột biến (khác với gene gốc). Nếu codon đột biến thuộc:
  - **Codon đầu (start codon)**: luôn sửa thành ATG.
  - **Codon cuối (stop codon)**: luôn sửa thành TAG.
  - **Codon thân**:
    - \* Vị trí lẻ (1, 3, 5,...): thay toàn bộ codon bằng base có số lần xuất hiện ít nhất trong gene hiện tại.
    - \* Vị trí chẵn (2, 4, 6,...): loại bỏ codon khỏi chuỗi. Gene được đảm bảo độ dài  $\geq 9$ .

**Yêu cầu 12 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **findMutatedCodon** để xác định vị trí codon bị đột biến trong gene. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `int findMutatedCodons(struct Gene mutatedGene, char * originalGene)`

- Tham số đầu vào:
  - **mutatedGene (struct Gene)**: gene đã bị đột biến.
  - **originalGene (char\*)**: gene gốc dùng để so sánh và phát hiện codon sai khác.
- Trả về:
  - Vị trí (số thứ tự) của codon bị đột biến.

### Ví dụ 3.9

- Với mutatedGene và originalGene:

"ATGCGTACGTCC" & "ATGCGTACGTAA"

findMutatedCodon trả về

"4"

- Với mutatedGene và originalGene:

"ATGCAAGGGCTAATAG" & "ATGCGTGGGCTAATAG"

findMutatedCodon trả về

"2"

**Yêu cầu 13 (0.6 điểm):** Hiện thực hàm **repairMutation** để phục hồi gene dựa trên vị trí codon đột biến đã phát hiện. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void repairMutation(struct Gene gene, int pos, char *output)`
- Tham số đầu vào:
  - **gene (struct Gene)**: đối tượng gene cần điều chỉnh.
  - **pos (int)**: vị trí codon đột biến cần sửa.
  - **output (kiểu char\*)**: con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- Trả về:
  - Chuỗi DNA của gene sau khi đã được sửa.

### Ví dụ 3.10

- Với gene và vị trí pos:

```
"ATGCGTACGTAA" & "2"
```

repairMutation trả về

```
"ATGACGTAA"
```

- Với gene và vị trí pos:

```
"ATGCGTACGAAATTACTATAA" & "3"
```

repairMutation trả về

```
"ATGCGTCCCAAATTCTATAA"
```

## 3.8 Tác vụ khác

### 3.8.1 Đảo ngược Gene

**Yêu cầu 14 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **reverseGene** để đảo ngược chuỗi gene hiện tại.  
Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void reverseGene(struct Gene gene, char *output)`
- Tham số đầu vào:
  - **gene (struct Gene):** đối tượng gene cần được đảo ngược.
  - **output (kiểu char\*):** con trỏ đến chuỗi chứa kết quả xử lý.
- Trả về:
  - Chuỗi DNA đã được đảo ngược từ `org_seq`.

### Ví dụ 3.11

- Với chuỗi gene

"ATGCGTACGTAA"

reverseGene trả về

"AATGCATGCGTA"

- Với chuỗi gene

"ATGCGTACGAAATTACTATAA"

reverseGene trả về

"AATATCATTAAGCATGCGTA"

### 3.8.2 Gene dài nhất/ngắn nhất

**Yêu cầu 15 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **longestGene** để in ra thông tin gene có độ dài lớn nhất trong bảng. Thông tin chi tiết:

- Khai báo hàm: `void longestGene(struct Gene * geneTable, int count)`
- Tham số đầu vào:
  - **geneTable** (mảng **struct Gene**): bảng thông tin các gene.
  - **count** (**int**): số lượng gene trong bảng.

- Yêu cầu:

- Tìm gene có độ dài lớn nhất trong bảng và in thông tin ra theo format:

NAME: GENE\_NAME  
DNA: GENE\_SEQ

- **Lưu ý:** Nếu có nhiều hơn một gene có cùng độ dài lớn nhất, cần in ra toàn bộ.

**Yêu cầu 16 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **shortestGene** để in ra thông tin gene có độ dài ngắn nhất trong bảng. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `void shortestGene(struct Gene * geneTable, int count)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **geneTable (mảng struct Gene):** bảng thông tin các gene.
  - **count (int):** số lượng gene trong bảng.
- **Yêu cầu:**
  - Tìm gene có độ dài ngắn nhất trong bảng và in thông tin ra theo format:

```
NAME: GENE_NAME  
DNA: GENE_SEQ
```

- **Lưu ý:** Nếu có nhiều hơn một gene có cùng độ dài ngắn nhất, cần in ra toàn bộ.

### 3.8.3 In quá trình biến đổi của DNA

**Yêu cầu 17 (0.4 điểm):** Hiện thực hàm **DNAPipeline** để in ra toàn bộ quy trình phiên mã DNA của một gene. Thông tin chi tiết:

- **Khai báo hàm:** `void DNAPipeline(struct Gene gene)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **gene (struct Gene):** đối tượng gene cần in.
- **Yêu cầu:**
  - In ra chuỗi DNA gốc, chuỗi bổ sung và chuỗi mRNA theo format:

```
DNA: DNA's original sequence  
DNA-COM: DNA's complement sequence  
mRNA: DNA's transcription sequence
```

```
DNA: ATGCGTACGTAA  
DNA-COM: TACGCATGCATT  
mRNA: AUGCGUACGUAA
```

## 3.9 Lệnh chương trình

**Yêu cầu 18 (0.5 điểm):** Hiện thực hàm **getActionByCommand** để thực hiện các tác vụ cụ thể được yêu cầu trên bảng gene. Thông tin chi tiết:



- **Khai báo hàm:** `void getActionByCommand(enum commandType command, struct Gene * geneTable, int count)`
- **Tham số đầu vào:**
  - **command (enum commandType):** loại tác vụ cần thực hiện.
  - **geneTable (mảng struct Gene):** bảng thông tin các gene.
  - **count (int):** số lượng gene trong bảng.
- **Yêu cầu:**
  - Xác định tác vụ cần thực hiện dựa trên giá trị của **command**, sau đó gọi hàm tương ứng để áp dụng lên toàn bộ danh sách gene đầu vào.
  - Các trường chuỗi trong **struct Gene**, ngoại trừ chuỗi DNA gốc, mặc định có giá trị "" (rỗng) trước khi thực hiện các thao tác.
  - Đối với lệnh **MUTATION**, sử dụng bảng Gene cố định được cung cấp để so sánh với các gene trong **geneTable**. Tham khảo ví dụ 3.12 và thêm nguyên mã minh họa trong ví dụ đó vào mã chương trình.

Bảng gene sau được dùng cho ví dụ của **Yêu cầu 18**:

No.	Gene Name	DNA Sequence
1	G1	ATGCGTTAA
2	G2	ATGTTTCCCTAA
3	G3	ATGAACTAGTTTGA

Bảng 3: A gene table with  $N = 3$

### Ví dụ 3.12

```
1 void getActionByCommand(enum commandType command, struct Gene *  
   geneTable, int count) {  
2  
3     struct Gene com_mutation_geneTable[10] = {  
4         {"G_1", "ATGCGTTAA", 9, "", "", ""},  
5         {"G_2", "ATGAACTAGTTTGA", 15, "", "", ""},  
6         {"G_3", "ATGAACTATTTGGGTGA", 18, "", "", ""},  
7         {"G_4", "ATGCGTGGCTAATAG", 15, "", "", ""},  
8         {"G_5", "ATGCGCTGA", 9, "", "", ""},  
9         {"G_6", "ATGCCGTAATAG", 12, "", "", ""},  
10        {"G_7", "ATGTTTAAACCCGGGTAA", 18, "", "", ""},  
11        {"G_8", "ATGCGATCGCTAG", 13, "", "", ""},  
12        {"G_9", "ATGAAATTTCCCGGTGA", 18, "", "", ""},  
13        {"G_10", "ATGACTGACTAA", 12, "", "", ""}  
14    };  
15  
16    //STUDENT CODE  
17    ...  
18 }
```

### Ví dụ 3.13

- Với lệnh SANITIZE, `getActionByCommand(SANITIZE, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
ATGCGTTAA
ATGTTTCCCTAA
ATGAAACTAGTTTGA
```

- Với lệnh CHECK, `getActionByCommand(CHECK, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
VALID GENE
VALID GENE
VALID GENE
```

- Với lệnh COMPLEMENT, `getActionByCommand(COMPLEMENT, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
VALID GENE
TACGCAATT
VALID GENE
TACAAAGGGATT
VALID GENE
TACTTTGATCAAAC
```

- Với lệnh MRNA, `getActionByCommand(MRNA, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
VALID GENE
AUGCGUUA
VALID GENE
AUGUUUCCCUA
VALID GENE
AUGAAACUAGUUUGA
```

### Ví dụ 3.14

- Với lệnh ENCODE, `getActionByCommand(ENCODE, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
VALID GENE
"655231674420844420"
VALID GENE
"655231845712674556674556844420"
VALID GENE
"655231654420674556655009845712844606"
```

- Với lệnh DECODE, `getActionByCommand(DECODE, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
ATGCGTTAA
ATGTTTCCCTAA
ATGAAACTAGTTTGA
```

- Với lệnh PRINT, `getActionByCommand(PRINT, geneTable, 3)` sẽ in ra:

No.	Gene Name	DNA Sequence
1	G1	ATGCGTTAA
2	G2	ATGTTTCCCTAA
3	G3	ATGAAACTAGTTTGA

- Với lệnh MUTATION, `getActionByCommand(MUTATION, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
Gene G1: NORMAL
Gene G2: MUTATED
Gene G3: NORMAL
```

Note: Nếu là gene đột biến, in ra "Gene GX: MUTATED"

- Với lệnh REPAIR, `getActionByCommand(REPAIR, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
Gene G1: NORMAL
Gene G2: NORMAL
Gene G3: NORMAL
```

Note: Nếu gene được chỉnh sửa, in ra "Gene GX: chuỗi sau khi chỉnh sửa"

### Ví dụ 3.15

- Với lệnh REVERSE, `getActionByCommand(REVERSE, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
AATTGCGTA
AATCCTTTGACA
AGTTTGATCTTTGTA
```

- Với lệnh LONGEST, `getActionByCommand(LONGEST, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
NAME: G3
DNA: ATGAACTAGTTTGA
```

- Với lệnh SHORTEST, `getActionByCommand(SHORTEST, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
NAME: G1
DNA: ATGCGTTAA
```

- Với lệnh PIPELINE, `getActionByCommand(PIPELINE, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
DNA: ATGCGTTAA
DNA-COM: TACGCAATT
mRNA: AUGCGUUA

DNA: ATGTTTCCCTAA
DNA-COM: TACAAAGGGATT
mRNA: AUGUUUCCCUAA

DNA: ATGAACTAGTTTGA
DNA-COM: TACTTTGATCAAAC
mRNA: AUGAAACUAGUUUGA
```

- Với lệnh INVALID, `getActionByCommand(INVALID, geneTable, 3)` sẽ in ra:

```
INVALID COMMAND
```

### 3.10 Kiểm tra tất cả các hàm

**Yêu cầu 19 (0.9 điểm):** Một số testcase sẽ kiểm tra tổng hợp các hàm ở phía trên.

## 4 Nộp bài

Sinh viên tải các các tập tin sau từ trang site của môn học:

genevilx.c	Mã nguồn khởi tạo
NMLT_GENEVILX_Assignment.pdf	File mô tả nội dung bài tập lớn

File `genevilx.c` là mã nguồn khởi tạo. Sinh viên phải sử dụng mã nguồn này để viết phần hiện thực nằm giữa 2 dòng sau:

- `// — Begin: Student Answer —`
- `// — End: Student Answer —`

Khi nộp bài, sinh viên nộp bài trên site LMS của môn học. Sinh viên điền code bài tập lớn giống như các bài thực hành khác. Nội dung điền vào sẽ là phần code sinh viên hiện thực nằm giữa 2 dòng trên. Sinh viên không được phép include bất kỳ thư viện nào ngoài các thư viện đã có sẵn trong mã nguồn khởi tạo. Sinh viên được cung cấp các nơi nộp bài:

- **Nơi nộp bài thử:** Sinh viên nộp bài làm và được chấm trên 5 testcases để kiểm tra các lỗi cú pháp, lỗi logic cơ bản có thể có của bài làm sinh viên. Sinh viên được phép nộp bài vô số lần ở đây
- **Nơi nộp bài chính thức:** sẽ thông báo sau.

Trong mỗi phần trên, ngoại trừ **Nơi nộp bài thử**, sinh viên có tối đa **10** lần làm bài. Đối với mỗi lần nộp bài, sinh viên có **10 phút** để nộp code và kiểm tra. Chỉ có lần nhấn "Kiểm tra" đầu tiên là được tính điểm, các lần sau sẽ không được lấy điểm. Kết quả bài làm chỉ hiển thị sau khi bạn nhấn nút "Hoàn thành bài làm". Điểm cao nhất trong các lần làm bài sẽ được lấy làm điểm cho phần đó.

Thời hạn nộp bài được công bố tại nơi nộp bài trong site nêu trên. Đến thời hạn nộp bài, đường liên kết sẽ tự động khoá nên sinh viên sẽ không thể nộp chậm. Sinh viên nên hoàn thành và nộp bài sớm. Nếu sinh viên đợi gần đến thời hạn mới nộp mà hệ thống bị quá tải thì sinh viên sẽ tự chịu trách nhiệm.

Sinh viên phải kiểm tra chương trình của mình trên MinGW và nộp bài thử trước khi nộp.

## 5 Harmony cho Bài tập lớn

Bài kiểm tra cuối kì của môn học sẽ có một số câu hỏi Harmony với nội dung của BTL. Giả sử điểm BTL mà sinh viên đạt được là  $a$  (theo thang điểm 10), tổng điểm các câu hỏi Harmony  $b$  (theo thang điểm 5). Gọi  $x$  là điểm của BTL sau khi Harmony, cũng là điểm BTL cuối cùng của sinh viên. Các câu hỏi cuối kì sẽ được Harmony với 50% điểm của BTL theo công thức sau:

- Nếu  $a = 0$  hoặc  $b = 0$  thì  $x = 0$
- Nếu  $a$  và  $b$  đều khác 0 thì

$$x = \frac{a}{2} + HARM(\frac{a}{2}, b)$$

Trong đó:

$$HARM(x, y) = \frac{2xy}{x + y}$$

Sinh viên phải giải quyết BTL bằng khả năng của chính mình. Nếu sinh viên gian lận trong BTL, sinh viên sẽ không thể trả lời câu hỏi Harmony và nhận điểm 0 cho BTL.

Sinh viên **phải** chú ý làm câu hỏi Harmony trong bài kiểm tra cuối kỳ. Các trường hợp không làm sẽ tính là 0 điểm cho BTL, và bị không đạt cho môn học. **Không chấp nhận giải thích và không có ngoại lệ.**

## 6 Quy định và xử lý gian lận

Bài tập lớn phải được sinh viên TỰ LÀM. Sinh viên sẽ bị coi là gian lận nếu:

- Có sự giống nhau bất thường giữa mã nguồn của các bài nộp. Trong trường hợp này, TẤT CẢ các bài nộp đều bị coi là gian lận. Do vậy sinh viên phải bảo vệ mã nguồn bài tập lớn của mình.
- Sinh viên không hiểu mã nguồn do chính mình viết, trừ những phần mã được cung cấp sẵn trong chương trình khởi tạo. Sinh viên có thể tham khảo từ bất kỳ nguồn tài liệu nào, tuy nhiên phải đảm bảo rằng mình hiểu rõ ý nghĩa của tất cả những dòng lệnh mà mình viết. Trong trường hợp không hiểu rõ mã nguồn của nơi mình tham khảo, sinh viên được đặc biệt cảnh báo là KHÔNG ĐƯỢC sử dụng mã nguồn này; thay vào đó nên sử dụng những gì đã được học để viết chương trình.

- Nộp nhầm bài của sinh viên khác trên tài khoản cá nhân của mình.

Trong trường hợp bị kết luận là gian lận, sinh viên sẽ bị điểm 0 cho toàn bộ môn học (không chỉ bài tập lớn).

## **KHÔNG CHẤP NHẬN BẤT KỲ GIẢI THÍCH NÀO VÀ KHÔNG CÓ BẤT KỲ NGOẠI LỆ NÀO!**

Sau mỗi bài tập lớn được nộp, sẽ có một số sinh viên được gọi phỏng vấn ngẫu nhiên để chứng minh rằng bài tập lớn vừa được nộp là do chính mình làm.

Một số quy định khác:

- Mọi quyết định của giảng viên phụ trách bài tập lớn là quyết định cuối cùng.
- Sinh viên không được cung cấp testcase sau khi chấm bài.
- Nội dung Bài tập lớn sẽ được Harmony với một câu hỏi trong bài kiểm tra với nội dung tương tự.

## **7 Thay đổi so với phiên bản trước**

- Trong Mục 3.9, bổ sung thêm thông tin liên quan đến lệnh MUTATION, đồng thời chỉnh sửa lại một số ví dụ hiện có cho phù hợp.
- Điều chỉnh lại kiểu dữ liệu (void) và cơ chế trả kết quả thông qua con trỏ output cho các hàm sau:

```
– void sanitizeCode(char *codes, char *output)
– void generateComplement(char *codes, char *output)
– void generateMRNA(char *codes, char *output)
– void encode(char *codes, char *output)
– void decode(char *codes, char *output)
– void repairMutation(struct Gene gene, int pos, char *output)
– void reverseGene(struct Gene gene, char *output)
```

————— **HẾT** —————