# TdP - Esame del 18/07/2024 - Traccia A

Si consideri il database **genes\_small.sql**, estratto da un database del genoma umano originariamente creato per una challenge internazionale di biological data mining. I geni codificano le proteine che si localizzano in diverse parti della cellula e interagiscono fra di loro per eseguire le funzioni vitali della cellula stessa. Il dataset contiene informazioni sulla localizzazione (tabella *classification*), sulle interazioni (tabella *interactions*) e sulle funzioni dei geni (tabella *genes*), ed è strutturato secondo il diagramma ER illustrato nella pagina seguente. Il database è scaricabile dal repository: <a href="https://github.com/TdP-datasets/genes\_small">https://github.com/TdP-datasets/genes\_small</a>

Si intende costruire un'applicazione FLET che permetta di svolgere le seguenti funzioni:

#### PUNTO 1

- a. Si permetta all'utente di selezionare due interi *Chromosoma min, Chromosoma max*, tramite i due menù a tendina corrispondenti già predisposti. I valori presenti nei menù a tendina devono rappresentare i possibili valori della variabile *Cromosoma* (tabella *genes*), e saranno usati al punto b. per filtrare i geni nella creazione del grafo.
  - <u>Nota bene</u>: al momento della pressione del pulsante *Crea Grafo* bisogna gestire le eccezioni nella selezione dei menu a tendina, anche il *caso in cui Chromosoma min sia maggiore di Chromosoma max*.
- - Un **arco** collega due geni *diversi* <u>se e solo se</u> i due geni hanno la **stessa Localizzazione** (tabella *classification*), **GenelD diverso**, ed **esiste una interazione tra di loro** (ovvero sia la tabella *Interactions* contiene una interazione con i GenelD dei due nodi)
  - Il **peso** dell'arco corrisponde all'indice di correlazione dell'interazione fra i due geni (tabella *interactions*). Il **verso** dell'arco sarà uscente dal gene con Cromosoma minore ed entrante nel gene con Cromosoma maggiore. Il caso in cui due geni appartengono allo stesso cromosoma va gestito aggiungendo entrambi gli archi.
- c. Alla creazione del grafo, stampare automaticamente le seguenti informazioni (vedere screenshots di esempio):
  - I numero di vertici ed archi del grafo.
  - I 5 nodi col maggiore numero di archi uscenti col numero di archi uscenti ed il peso complessivo di questi archi (la somma dei loro pesi). I nodi devono essere stampati in ordine decrescente per numero di archi uscenti.

#### PUNTO 2

- a. A partire dal grafo definito al punto 1, si vuole implementare una procedura ricorsiva che identifichi il cammino più lungo che minimizza la somma dei pesi del percorso, e con le seguenti caratteristiche:
  - I. Un nodo può essere attraversato una sola volta.
  - II. Gli archi possono essere attraversati solo nella loro direzione di percorrenza
  - III. Nel cammino, non ci possono essere due geni consecutivi con lo stesso valore del campo Essential
  - IV. Si possono attraversare solo archi di peso crescente (ovvero ogni nuovo arco percorso deve avere peso >= del precedente).

Nello specifico, la procedura dovrà identificare il cammino più lungo ammissibile. In seconda istanza, tra i diversi cammini di pari lunghezza, dovrà prediligere il percorso a peso totale minimo.

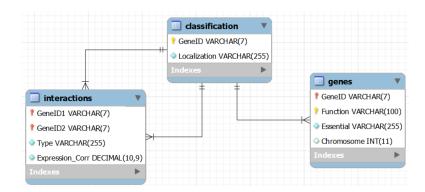
### b. Si stampino:

- I. Il numero di nodi nel cammino trovato
- II. Il peso totale del cammino trovato
- III. La sequenza di nodi attraversati

Nella realizzazione del codice, si lavori a partire dalle classi e dal database contenuti nel progetto di base. È ovviamente permesso aggiungere o modificare classi e metodi.

Tutti i possibili errori di immissione, validazione dati, accesso al database, ed algoritmici devono essere gestiti, non sono ammesse eccezioni generate dal programma. Nelle pagine seguenti, sono disponibili due esempi di risultati per controllare la propria soluzione.

Le tabelle **classification**, **interactions** e **genes** contengono rispettivamente informazioni sulla localizzazione dei geni (e delle rispettive proteine), sul tipo e intensità del rapporto di interazione, e sulla funzione da loro espressa. Tutte le tabelle sono collegate tra loro tramite la chiave primaria che identifica i geni (GeneID).



## **ESEMPI DI RISULTATI PER CONTROLLARE LA PROPRIA SOLUZIONE:**

