Taller #5 de Métodos Computacionales FISI 2028, Semestre 2016 - 10

Profesor: Germán Chaparro

Jueves 7 de Abril, 2016

Importante

- Los siete archivos con el código fuente que soluciona esta tarea deben subirse a través de sicuaplus antes de las media noche del martes 12 de Abril como un único archivo zip con el nombre NombreApellidos_hw5.zip, por ejemplo yo debería subir un archivo llamado GermanChaparro_hw5.zip
- La nota máxima de este taller es de 100 puntos. Los puntos indicados en cada literal solamente se otorgan si el programa compila y da los resultados esperados según la descripción de cada punto.
- El archivo del genoma de la Vibrio cholerae se encuentra en este repositorio:
 https://github.com/forero/ComputationalMethodsData/tree/master/homework/hw_2
- 1. (35 puntos) Resuelva todos los ejercicios de los capítulos 1 y 2 dellibro de Horton, guarde las respuestas en los archivos: horton1-1.c, horton1-2.c, horton1-3.c, horton2-1.c, horton2-2.c, horton2-3.c, horton2-4.c.
- 2. a) (10 puntos) Escriba un programa en C que genere un archivo con n filas y m columnas de números aleatorios entre 0 y 1. El código fuente debe estar en un archivo llamado gen_random.c. El programa debe poder ejecutarse como gen_random.x n m filename, donde filename es un nombre arbitrario del archivo donde se van a escribir los datos.
 - b) (10 puntos) Escriba un programa en C que lea un archivo de nombre arbitrario que contiene n filas y m columnas de números escritos en el mismo formato que usa gen_random.c para escribir los datos. El código fuente debe estar en un archivo llamado max_random.c. El código debe además imprimir en pantalla el valor máximo en cada una de las columnas. El programa debe poder ejecutarse como max_random.x n m filename, donde filename es un nombre arbitrario del archivo que contiene los datos.
- 3. a) (10 puntos) El archivo Vibrio_cholerae.txt contiene el genoma de la bacteria Vibrio cholerae. Escriba un programa en C llamado patron.c que encuentre los dos patrones de 5 bases consecutivas que más se encuentren en las primeras 10⁴ bases del genoma de la Vibrio cholerae.
 - b) (25 puntos) Escriba un programa en C llamado patron_nm.c que encuentre los dos patrones de n bases consecutivas que más se encuentren en las primeras m bases del genoma de la Vibrio cholerae. Este programa debe poder ejecutarse desde consola como patron_nm.x n m. El programa debe verificar que $n>0, m>0, n\leq m$ y que m es menor que el número de bases en el genoma. Si alguna de esas condiciones no se cumple, el programa debe escribir un mensaje explicando el problema antes de parar su ejecución.