Reporte de laboratorio 1

Laura Rincón Riveros - B55863 Esteban Vargas Vargas - B16998

4 de septiembre de $2016\,$

Índice

1. Introducción	1
2. Código en C++	2
3. Conclusiones	5

1. Introducción

En el presente laboratorio se realizó un programa capaz de traducir una secuencia de ARN en su respectiva cadena de aminoácido, como se presenta a continuación:

2. Código en C++

Figura 1: Variables globales del progama

En la figura 1 se presentan dos arreglos globales; variables que contiene las combinaciones de bases nitrogenadas (ARN) y el arreglo equival que contiene la correspondiente traducción a aminoácidos representados por siglas de una letra mayúscula. Estos dos arreglos se trabajan como una especie de diccionario.

```
/**
 * @brief Cuenta el numeros de caracteres recibidos por consola.

*

*/
int contarchars(char* arg)
{
   int cont=0;
   char h;
   do{
     h=arg[cont];
     cont++;
   }
   while(h!='\0');
   int contador=cont-1;
   return contador;
}
```

Figura 2: Función contarchars

La función contar (figura 2) fue necesaria para lograr saber el tamaño de la cadena de ARN ingresada. Esta información fue de mucha importancia para lograr la tarea a realizar.

```
/**
    * @brief Traduce el ARN en una cadena de aminoacidos.

*

*/
char* traducirARNaAA(char* arn)
{
    int m= contarchars(arn);
    int i=0;
    int j=0;
    int x=0;
    char* codones = new char [m/3];

    for(i=0;i<m;i+=3){
        char* cadena = new char[3];
        cadena[0] = arn[i];
        cadena[1] = arn[i+1];
        cadena[2] = arn[i+2];

    for (j=0;j<64; j++) {
        if (cadena==variables[j]){
            codones[x] = equival[j];
            x++;
        }
    }
    delete [] cadena;
}
return codones;
}</pre>
```

Figura 3: Función traducirARNaAA

En la figura 3 se presenta el código de la función traducirARNaAA, que recibe un puntero de char el cual compara con el arreglo *variables* y remplaza con su repectiva sigla del arreglo *equival*. Para ello se utilizó memoria dinámica en donde el puntero *cadena*, guarda una sección del ARN, compara, traduce, libera la memoria del mismo y reinicia el ciclo hasta traducir todo el ARN para finalmente devolver un arreglo de char con los aminoácidos.

```
/**
    @brief Imprime un arreglo de char.

*

*/
void imprimirArregloDeChar(char* imp, int n)
{
    int i=0;
    for(i=0;i<n;i++){
        cout<<imp[i];
    }
    cout<<endl;
}

int main (int argc, char** argv)
{
    imprimirArregloDeChar(traducirARNaAA(argv[1]),contarchars(argv[1]));
    return 0;
}</pre>
```

Figura 4: Función imprimirArregloDeChar y main

En la figura 4 se presenta la función imprimirArregloDeChar que recorre el arreglo según su tamaño e imprime cada elemento.

Finalmente, en la figura se muestra también el método *main*, el cual llama a la función imprimirArregloDeChar la cual necesita dos parámetros como se puede observar:

- Un puntero char a imprimir que se obtiene del puntero char que devuelve la función traducirARNaAA, veáse la figura 3.
- Un entero tamaño de la cadena a imprimir que se obtiene de la función *contarchars*, veáse la figura 2.

Y se obtiene:

```
laura@macondo:~/Documents/Estructuras/laboratorios/lab1$ make
g++ -Wall -o out.o lab1.cpp
echo "programa en C++"
programa en C++
./out.o UAACCUUCUACUACGUAG
|PSTT|
rm out.o
laura@macondo:~/Documents/Estructuras/laboratorios/lab1$
```

Figura 5: Resultado del programa en consola

3. Conclusiones

- Fue necesario el uso de memoria dinámica para resolver el problema planteado.
- Se logró traducir una cadena de codondes ARN a los aminoácidos respectivos mediante la elaboración de un programa en C++.