Laboratorio\_1
1.0

Generated by Doxygen 1.8.8

Sun Sep 11 2016 22:15:00

# **Contents**

1	File	Index																		1	l
	1.1	File Lis	st							 		 							 	1	
2	File	Docume	entation																	3	3
	2.1	code/la	ab1.cpp Fil	le R	efere	nce				 		 								3	3
		2.1.1	Detailed	Des	cripti	ion				 		 							 	3	3
		2.1.2	DESCRI	PCI	ÓΝ.					 		 							 	3	3
		2.1.3	Function	Dod	cume	ntati	ion			 		 							 	4	Ļ
			2.1.3.1	an	nino					 		 	 						 	4	Ļ
			2.1.3.2	СО	nt .					 		 							 	5	ĵ
			2.1.3.3	im	primi	rArre	eglol	DeCl	har			 							 	5	ĵ
			2.1.3.4	ins	sp					 		 	 						 	5	5
			2.1.3.5	ma	ain .					 		 							 	5	5
			2.1.3.6	tra	ducir	'ARN	NaA/	١.,		 		 							 	6	3
			2127	trir	oloto															6	:

# Chapter 1

# File Index

1.1	File	List
-----	------	------

Here is a list of all files with brief descriptions:		
code/lab1.cpp		

2 File Index

# **Chapter 2**

# **File Documentation**

# 2.1 code/lab1.cpp File Reference

Memoria dinámica, arreglos, funciones y sintaxis en general de C++.

```
#include <iostream>
#include "string"
```

#### **Functions**

- int cont (char \*\*bss)
- char amino (int b1, int b2, int b3)
- char triplete (char \*bss)
- int insp (char \*\*bss)
- char \* traducirARNaAA (char \*\*arn)
- int imprimirArregloDeChar (char \*a, int n)
- int main (int argc, char \*\*argv)

#### 2.1.1 Detailed Description

Memoria dinámica, arreglos, funciones y sintaxis en general de C++.

**Author** 

Dunia Barahona s4si@hotmail.com

Version

1.0

## 2.1.2 DESCRIPCIÓN

Programa que genera animoácidos a partir de los codones de un código genético (ARN) cualquiera, mediante la tabla de conversión ARN-aminoácidos.

Imprime los aminoácidos que se traducen a partir de la serie de bases nitrogenadas (A, G, C, U) recibida de la línea de comandos.

File Documentation

## 2.1.3 Function Documentation

2.1.3.1 char amino ( int b1, int b2, int b3 )

Determina cual aminoácido corresponde al codón de ARN ingresado según la tabla de conversión ARN a aminoácido.

#### **Parameters**

b1	es un entero que representa la primer base del codón.
b2	es un entero que representa la segunda base del codón.
<i>b</i> 3	es un entero que representa la tercera base del codón.

#### **Returns**

Variable de tipo char. Aminoácido correspondiente al codón de bases ingresado.

### 2.1.3.2 int cont ( char \*\* bss )

Obtiene el tamaño del código genético (ARN) ingresado desde la línea de comandos.

#### **Parameters**

**bss	es un puntero doble de char que contiene la dirección de memoria del ARN ingresado.

#### Returns

Variable de tipo entero. Cantidad de caracteres (bases) ingresados.

#### 2.1.3.3 int imprimirArregloDeChar ( char \* a, int n )

Imprime n caracteres de a.

#### **Parameters**

*a	es un puntero de char.
n	es un entero que representa la cantidad de chars del arreglo recibido.

#### 2.1.3.4 int insp ( char \*\* bss )

Verifica si el ARN ingresado cumple con las siguientes condiciones:

- La cantidad de bases que lo componen es multiplo de 3.
- Está compuesto únicamente por los caracteres que corresponden a bases nitrogenadas (A, C, G, U).

#### **Parameters**

**bss	es un puntero doble de char. Es el ARN ingresado desde la línea de comandos.

#### Returns

Variable de tipo entero. Si retorna cero el ARN ingresado cumple las condiciones.

### 2.1.3.5 int main ( int argc, char \*\* argv )

Esta es la función principal.

6 File Documentation

#### **Parameters**

argc	es la cantidad de elementos que recibe.
**argv	son los valores recibidos.

## 2.1.3.6 char\* traducirARNaAA ( char \*\* arn )

Llama a la función insp para asegurarse que el ARN ingresado es válido.

```
1 int swch= insp(arn);
```

Luego recorre el código génético ingresado para traducir cada codón por medio de la función triplete .

```
1 char amac;
2 amac= triplete(temp);
```

#### **Parameters**

**arn
-------

#### Returns

Nuevo arreglo de char con los animoacidos que conforman la proteína resultante.

#### 2.1.3.7 char triplete ( char \* bss )

Traduce las bases del codón recibido según lo siguiente:

- A = 0
- C = 1
- G = 2
- U = 3

Guarda los valores en un puntero de enteros temporal **temp** y lo usa como parámetro en la función amino la cual determina el aminoácido resultante.

```
1 char AA = amino(temp[0], temp[1], temp[2]);
```

#### **Parameters**

*bss	puntero de tipo char, donde cada char corresponde a un base nitrogenada.
------	--

#### Returns

Variable de tipo char. Aminoácido correspondiente al codón ingresado.