

Programa: Ingeniería de Sistemas y Computación Docente: Germán Alberto Angarita Henao Email: gaangarita@uniquindio.edu.co

Tel: 3045207463

## Taller de ciclos - parte I

Usted es contratado por la empresa BioGenetics S.A. para crear un conjunto de programas de experimentación para su unidad de desarrollo e investigación llamada LabSADN (Laboratorio de Secuenciación del ADN). Como ellos saben que usted no es un experto conocedor del tema, ellos le dicen que no se preocupe, que para crear los programas solamente necesita saber lo siguiente:

- El ADN es la sigla de **Á**cido **D**esoxirribo**N**ucleico, el cual es el material que almacena toda la información genética de un ser vivo.
- La información en el ADN se almacena como un código compuesto por cuatro bases químicas: Adenina (A), Timina (T), Citosina (C) y Guanina (G), para formar unidades llamadas pares de bases. <a href="https://medlineplus.gov/spanish/genetica/entender/basica/adn/">https://medlineplus.gov/spanish/genetica/entender/basica/adn/</a>
- Una propiedad importante del ADN es que se puede replicar (hacer copias de sí mismo), también puede sufrir de cambios en algún punto (mutación) o incluso se puede degradar (dañar) parcial o completamente.
- Existe un criterio de complementariedad: A-T y G-C, esto se debe a que la adenina y la guanina son de mayor tamaño que la timina y la cictosina <a href="https://es.wikipedia.org/wiki/Ácido\_desoxirribonucleico">https://es.wikipedia.org/wiki/Ácido\_desoxirribonucleico</a>
  Esto permite obtener la cadena complementaria de una cadena de ADN intercambiando A por T, T por A, G por C y C por G, según sea el caso.
- Se pueden comparar dos cadenas de ADN, para determinar por ejemplo, la cantidad de bases que tienen en común en la misma posición.

## Con base en la anterior información, resuelva:

- **1.** Cristiana, una joven investigadora del LabSADN, necesita un conjunto de programas que le ayuden a generar e imprimir cadenas de ADN de una longitud indicada por ella y además que dichas cadenas cumplan ciertas condiciones. Cada uno de los siguientes puntos debe ser un programa diferente.
- **a.** La cadena está formada por una única base: Adenina (A), Timina (T), Citosina (C) o Guanina (G), según se indique al momento de ejecutar el programa.
- **b.** La cadena tiene únicamente dos de las cuatro bases (seleccionadas aleatoriamente) y ubicadas en cualquier posición y orden dentro de la cadena.
- **c.** La cadena tiene una longitud múltiplo de 10 y la distribución de las bases debe respetar que: la cantidad de Citosina (C) es cuatro veces la cantidad de Guanina, Timina (T) es dos veces la cantidad de Guanina y Adenina (A) es tres veces la cantidad de Guanina. La cadena debe tener cuatro bases. El programa debe garantizar que el usuario ingrese una longitud múltiplo de 10. Si esta condición no se cumple, el programa debe informar y solicitar nuevamente los datos.
- **d.** La cadena tiene únicamente dos de las cuatro bases (seleccionadas aleatoriamente), pero indicando el porcentaje de la primera base seleccionada, de tal forma que el porcentaje de la segunda, sea el



Programa: Ingeniería de Sistemas y Computación Docente: Germán Alberto Angarita Henao Email: gaangarita@uniquindio.edu.co

Tel: 3045207463

complemento para completar la longitud indicada. El programa debe impedir que el porcentaje ingresado sea menor a 0% y mayor al 99%. Para garantizar por lo menos un 1% para la segunda base. Si esta condición no se cumple, el programa debe informar y solicitar nuevamente los datos.

- **2.** Claudia, una investigadora invitada de otro laboratorio necesita otros programas sobre una cadena dada como constante en el programa y otra de menor tamaño ingresada por ella:
- **a.** Determinar la primera posición en la que la segunda secuencia está dentro de la primera. Si no aparece debe imprimir -1.
- **b.** Determinar cuántas veces está la segunda secuencia dentro de la primera. Si no aparece debe imprimir 0.
- **3.** Finalmente la directora del laboratorio quiere dos programas:
- **a.** Dada una cadena ingresada como constante en el programa, mostrarla en formato de frecuencia de bases consecutivas, es decir si la secuencia es "AAAGTCCAGGTTTT" la salida debe ser "A3,G1,T1,C2,A1,G2,T4"
- **b.** Generar una secuencia de ADN de tal forma que las bases respeten la sucesión de fibonacci. Es decir una base aparece una vez, la siguiente base una vez, la que sigue dos, la otra 3, luego 5, 8 13, 21, 34, ... y así hasta completar una cantidad indicada de bloques de bases. El orden de las bases no importa, lo importante es que la frecuencia respete la sucesión de Fibonacci. <a href="https://es.wikipedia.org/wiki/Sucesión de Fibonacci">https://es.wikipedia.org/wiki/Sucesión de Fibonacci</a>

Autor: Área de programación - Ingeniería de Sistemas y Computación