MAC0122 PRINCÍPIOS DE DESENVOLVIMENTO DE ALGORITMOS FOLHA DE SOLUÇÃO

Nome: Henrique Maruiti	NUSP: 12610243
Assinatura	

Sua assinatura atesta a autenticidade e originalidade de seu trabalho e que você se compromete a seguir o código de ética da USP em suas atividades acadêmicas, incluindo esta atividade.

- 1) Para o programa PotentialGene.java ter a saída "true", A sequência de DNA fornecida deve obedecer 4 requisitos:
 - Ter seu comprimento no valor de um múltiplo de 3;
 - Começar com o códon de inicialização ATG;
 - Terminar com o códon de terminação TAA ou TAG ou TGA;
 - Não possuir um códon de terminação no meio de sua sequência;
- 2) O exemplo de entrada t para GeneFindImproved.java é a sequência "ATGATAGATGCA-TAGCGCATAGCTAGATGTGCTAGC". Com essa entrada o FindGeneBrute.java encontrará as saídas ATGATAGATGCATAG, ATGCATAGCGCATAG e ATGTGCTAG, enquanto o GeneFindImproved.java encontrará as saídas ATGCATAGCGCATAG e ATGTGCTAG. De um modo analítico, percebe-se que o GeneFindImproved.java é limitado e não consegue detectar sequências que possuem dois códons ATG, sendo um de inicialização e outro intermediário, segundo sua linha de programação "if (codon.equals(start)) beg = i;" e "String gene = genome.substring(beg, i + 3);" percebe-se que qualquer encontro com a string start, no caso ATG, o programa considerará sempre como o inicio de um novo códon e não como uma possível continuação.