

Pregunta D Interrogación IIC2513 2021-1

SECCIÓN: Programación 1

Se le pide crear la función `checkDNA()` que recibe como parámetros dos strings de largo indeterminado, uno llamado ***originalString*** y otro ***finalString***, y que retorne un arreglo de objetos que indican la posición y la mutación encontrada

Los strings son cadenas de ADN y sólo contienen las letras "A", "G", "C" ó "T"

Por ejemplo "TTGACCTGAACGTCGAT" es una cadena posible de ADN.

De acuerdo a los parámetros proporcionados, la función debe determinar si ***finalString*** tiene mutaciones con respecto a ***originalString*** y debe entregar la posición de todas las mutaciones encontradas.

Una mutación se define como una letra no coincidente en ***finalString***, comparado con la misma ubicación en ***originalString***

Por ejemplo si ***originalString*** es "TTGACCTGAACGTCGAT" y tenemos ***finalString*** como "TTGACGTGAACGCCGAT", la función `checkDNA(originalString, finalString)` debe retornar un arreglo indicando que hay mutaciones en las posiciones: 5 (C por G) y 12 (T por C)

La función deberá retornar, por lo tanto, la posición y qué letra fue reemplazada y por cuál letra se reemplazó. Para ello, se espera como retorno un arreglo de objetos, donde el objeto indica posición, letra original y letra final, como se muestra en el ejemplo.

Para el ejemplo:

```
arrayOfMutations = [  
  { pos: 5, original: "C", mutation:"G" },  
  { pos: 12, original: "T", mutation:"C" },  
]
```