Instituto Federal Catarinense - Campus Videira

Aluna: Nicole Tomazoni pelentir

Turma: Ciência da Computação 2022/1

Disciplina: Algoritmos

Data: 12/07/2022

Introdução

No ano de 3030, os símios, uma espécie de macaco, estão tão parecidos com os seres

humanos e vivendo de forma similar que é quase impossível distinguir quem é símios e quem

é humano. Por esse motivo, uma organização secreta de humanos deseja descobrir quem são

os símios restantes para exterminá-los. No entanto, como eles ainda não conseguem distinguir

essa diferença, pois ela só é perceptível pelo código genético, eles acabaram contratando

vários biólogos especialistas em programação, para que pudessem desenvolver um programa

capaz de distinguir essas diferenças de modo rápido e prático, para que o extermínio possa

começar. Essa análise é feita comparando as bases nitrogenadas dos indivíduos, visto que os

símios possuem 4 repetições seguidas dos mesmos ácidos nucleicos, enquanto os humanos

não possuem essa "anomalia".

Metodologia

O problema será resolvido da seguinte forma, o tamanho da matriz será passado por

registro e manipulado pela função tamanhoDNA, sendo definida pelo usuário. Os dados

serão digitados e armazenados em uma matriz, chamada de codigoG[][]. Após, será analisado

se as bases nitrogenadas (A, C, G, T) são válidas chamando a função basesNitrogenas, caso

sejam, elas serão adicionadas à matriz, caso contrário, serão ignoradas. Então, será escrito a

matriz na tela do usuário, para que ela possa vê-la completa.

Após isso, o programa analisará a sequência de dados, por linhas, função linha,

colunas, função colunas, diagonal principal e secundária, respectivamente as funções

diagonalP e diagonalS, e retornará dizendo se é um humano, chamando a função isHumano,

caso não encontre nenhuma repetição, ou um símios, chamando a função isSimios, caso

encontre uma repetição de 4 ácidos nucleicos.

Resultados obtidos

Foram executados vários testes com diversos tamanhos de matrizes diferentes, mas o exemplo mostrado é o do teste de uma matriz 6X6, que continha 36 espaços para armazenar o código genético. No primeiro teste, no código digitado existiu uma repetição na segunda linha, como mostra na imagem abaixo. Assim que o sistema identificou a repetição, chamando a função **linha**, ele parou e retornou o resultado, chamando a função **isSimios**, para retornar o resultado do código genético.

Figura 1 - Teste Matriz 6x6

```
agcgtc
gggggt
aagtcc
gtgtca
ctacgc
tggcaa
```

Fonte: Pelentir, 2022

No segundo teste, foi feito em uma matriz 7X7, onde existiam 49 lugares para armazenamento do código genético, onde as repetições se encontravam na penúltima linha e na diagonal principal, como aparece na imagem abaixo. No entanto, só a função **linha** foi chamada, já que assim que encontrou, o programa parou de procurar.

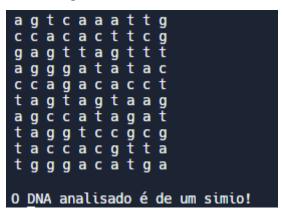
Figura 2 - Teste Matriz 7x7

```
agtctgc
gatagtc
ggatgta
aaagtcc
ttagctc
accccta
gtatcat
O DNA analisado é de um simios!
```

Fonte: Pelentir, 2022

No terceiro teste, em uma matriz 10x10, que continha 100 lugares para armazenar o código genético, a repetição foi encontrada na coluna 4, visto na imagem abaixo, sendo chamada a função **coluna**, assim que foi encontrada, o programa parou e retornou a função **isSimios**, já que encontrou uma repetição.

Figura 3 - Teste Matriz 10x10



Fonte: Pelentir, 2022

Conclusão

Portanto, pode-se concluir que, com esse programa, a análise do DNA será mais fácil e rápida, visto que, se o usuário tiver as bases nitrogenadas, no mesmo instante, ele consegue saber de quem é aquele código genético, se é de um humano ou de um símio.