

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

```
a g c g t c
g g g g g t
a a g t c c
g t g t c a
c t a c g c
t g g c a a

O DNA analisado é de um simios!
```

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

```
a g t c t g c
g a t a g t c
g g a t g t a
a a a g t c c
t t a g c t c
a c c c c t a
g t a t c a t

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

```
a g t c a a a t t g
c c a c a c t t c g
g a g t t a g t t t
a g g g a t a t a c
c c a g a c a c c t
t a g t a g t a a g
a g c c a t a g a t
t a g g t c c g c g
t a c c a c g t t a
t g g g a c a t g a

O DNA analisado é de um simio!
```

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.