

- Atente para modularizar seu código com funções, usar nomes de variáveis e funções que tenham significado e tornar seu código o mais legível possível.
- Faz parte da sua avaliação entender o enunciado. Durante a avaliação, nenhuma dúvida será respondida.
- A duração da avaliação é de duas horas.
- Não é preciso dizer que em qualquer tentativa de cola ou plágio, a nota será zero.

Aminoácidos são moléculas orgânicas que possuem um átomo de carbono ao qual se ligam um grupo carboxila, um grupo amino, um hidrogênio e um grupo variável. Existem 20 aminoácidos considerados como padrões, sendo os responsáveis por formar todas as proteínas existentes. A abundância de proteínas resulta da combinação dos aminoácidos de diferentes maneiras. Aminoácidos podem ser classificados em essenciais e não essenciais. Os aminoácidos essenciais são aqueles que os seres humanos são incapazes de produzir, enquanto os não essenciais são produzidos no nosso corpo. São considerados aminoácidos essenciais: isoleucina, leucina, lisina, metionina, fenilalanina, treonina, triptofano e valina.

Os aminoácidos podem ser agrupados ainda em apolares, polares e com cadeias laterais eletricamente carregadas. Os aminoácidos apolares são glicina, alanina, valina, leucina, isoleucina, metionina, fenilalanina, triptofano e prolina. Os aminoácidos polares são serina, treonina, cisteína, tirosina, asparagina e glutamina. Os aminoácidos com cadeias laterais eletricamente carregadas são o ácido aspártico, ácido glutâmico, lisina, arginina e histidina.

Os aminoácidos se unem por meio de ligações peptídicas, as quais se formam entre o grupo carboxila de um aminoácido e o grupo amino de outro. Essas ligações permitem a formação de cadeias de aminoácidos, que recebem o nome de peptídeos. Quando dois aminoácidos estão ligados, temos um dipeptídeo; quando três estão ligados, temos um tripetídeo; quando quatro estão ligados, temos um tetrapeptídeo, e assim sucessivamente. A união de muitos aminoácidos é conhecida como polipeptídeo. Uma proteína, por sua vez, pode apresentar milhares de aminoácidos. É possível diferenciar um polipeptídeo de uma proteína analisando-se sua massa molecular. Quando a molécula apresenta massa molecular abaixo de 10.000, temos um polipeptídeo, e quando a massa molecular está acima de 10.000, temos uma proteína. Veja a Figura 1, que representa as ligações entre aminoácidos <sup>1</sup>.

1. **(1 ponto)** Crie um tipo estruturado para representar o aminoácido, considerando as propriedades de polaridade, essencialidade, nome e massa molecular. Implemente as funções de criação e liberação do tipo criado.
2. **(1 ponto)** Crie o tipo estruturado para representar uma cadeia de aminoácidos, que deve ser uma lista encadeada. Implemente as funções de criação e liberação do tipo criado. Você pode decidir implementar como uma lista simplesmente ou duplamente encadeada. Decida com sabedoria.
3. **(2 pontos)** Dada uma cadeia de aminoácidos, escreva uma função recursiva para decidir se ela é ou não uma proteína, considerando que a massa molecular é a soma das massas dos aminoácidos.

<sup>1</sup>Fonte: <https://mundoeducacao.uol.com.br/biologia/aminoacidos.htm>

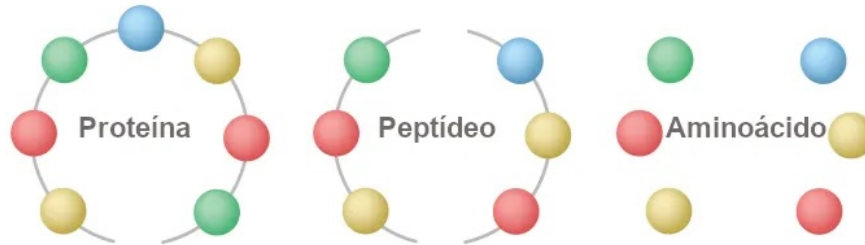


Figura 1: Representação de aminoácidos e suas cadeias. Fonte: <https://mundoeducacao.uol.com.br/biologia/aminoacidos.htm>

4. **(3 pontos)** Dada uma cadeia de aminoácidos que é uma proteína, escrever uma função que a transforma em um polipeptídeo, por remoção de um ou mais aminoácidos. A remoção deve remover os elementos de menor massa primeiro, até que a cadeia deixe de ser uma proteína.
5. **(3 pontos)** Dadas duas cadeias de aminoácidos, uma contendo apenas aminoácidos essenciais e outra contendo aminoácidos dos dois tipos, selecionar um aminoácido não essencial da segunda cadeia (o primeiro que aparecer) e acrescentá-lo na primeira cadeia, após algum aminoácido apolar. Caso não exista nenhum aminoácido apolar, ele deve ser inserido na primeira posição.

```

1 typedef struct aminoacido Aminoacido;
2
3 typedef struct cadeia_amino Cadeia;
4
5 Aminoacido* criar_amino(int polaridade, int essencial, char* nome, float massa);
6
7 void liberar_amino(Aminoacido* amin);
8
9 Cadeia* criar_cadeia ();
10
11 void liberar_cadeia(Cadeia* ca);
12
13 int eh_proteina(Cadeia* ca);
14
15 Cadeia* transformar_proteina(Cadeia* protein);
16
17 Cadeia* adicionar_nao_essencial(Cadeia* ca1, Cadeia* ca2);
18
19 Cadeia* inserir_amino(Cadeia* ca, Aminoacido* am); // abstrair

```

Listing 1: amino.h