Adivina quien versión microorganismos.

Por María Isabel Herrera Ortíz, Alondra Michelle Domínguez García y David Zaid Flores Jiménez





Base de datos

Microorganismos

20 microorganismos más conocidos de los 3 grupos; bacterias, virus y hongos.

Características

Caracteres distintivos:

- Morfología.
- Resultados de tinción.
- Pruebas bioquímicas.
- Huésped*
- Material genético.

Generalización

Limitación de variables en todos los grupos para evitar complicaciones en el programa

Código: Funciones.

Parte principal del código.

Serie de condicionales IF dentro
de la función que permiten seguir
el flujo del juego.

- cat()
- readline()
- ciclo while().

Se realizaron 4 funciones en total.

- adivina_microorganismos
- analisis_AA_2
- ADN_analisis
- reinicio_juego

adivina_microorganismos.

- La función principal que contiene el juego.
- Compuesta en su mayoría de condicionales IF.
 - Condicionales IF: Le dan la estructura al juego, permite seguir un flujo de acuerdo a las respuestas.
 - Se usan IF, else if y else anidados dentro de un mismo IF.
 - Debido a que la mayoría solo tiene dos opcciones se usan en su mayoría If y else.

- Ciclos while: Permiten asegurar que el usuario escriba la respuesta de manera correcta.
- tolower: Convierte las respuestas dadas a la pregunta en minúsculas.
 - Medida de seguridad.
- o Cat: Introducción al juego.
- readline: Parte interactiva.

analisis_AA_2 y ADN_analisis

- Funciones que permiten realizar el análisis de la secuencia.
- La clave es
 - o **file.choose():** Permite seleccionar los archivos de la secuencias.
 - cat(): Presentar los resultados de manera más ordenada.
 - return(): En forma de lista para poder regresar todos los resultados.

• La función analisis_AA_2 específicamente lee archivos de aminoácidos y ADN_analisis secuencias de nucleótidos.

reinicio_juego

- Al final de la función adivina_microorganismos.
- Permite al usuario decidir si quiere volver a jugar o terminar el juego.
 - o ciclos while.
 - o readline.
 - Condicionales IF.
 - cat



```
¡Ahora podras conocer datos sobre la secuencia de tu microorganismo!
Recuerda el nombre de tu microorganismo, lo necesitaras para esta parte!
El tamaño de la secuencia es: 555 nucleótidos
Erecuencia de los nucleótidos:
      A C G TMRWSYKVHDBN-+.
[1,] 179 86 138 152 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
Secuencia traducida es:
AAStringSet object of length 1:
    width seq
                                                                                             nam€
[1] 185 MEKWQVS*GGLVLPPFL*DCIRVE*SFVYILIMTVYISCLD*LRA...LM*MRD*TLNVIWSINESVSIPPQE*CGNAGTEITRPFLTPVVK OQ72
¡Ahora podras conocer datos sobre la secuencia de tu microorganismo!
Recuerda el nombre de tu microorganismo, lo necesitaras para esta parte!
El tamaño de la secuencia es: 1493 nucleótidos
Frecuencia de los nucleótidos:
       A C G TMRWSYKVHDBN-+.
[1,] 389 334 451 319 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
Secuencia traducida es:
AAStringSet object of length 1:
    width seq
                                                                     names
      497 GSGRTLAACLIHASRTLRTGAALVLR...TRSR*GNLLGASRLRWDR*LG*SRNK AB002527.1 Strept...
¡Ahora podras conocer datos sobre la secuencia de tu microorganismo!
```

```
Recuerda el nombre de tu microorganismo, lo necesitaras para esta parte !

El tamaño de la secuencia es: 1470 nucleótidos

Frecuencia de los nucleótidos:

A C G T M R W S Y K V H D B N - + .

[1,] 568 287 319 296 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0

Secuencia traducida es:

AAStringSet object of length 1:

width seq

names

[1] 490 MAESILDRTINRFWYNLGEDCLSESQFDLMIRLMEESLDGD...IEEPYEGVQEVFILEYKEEEEETSTEESDGSSTSEDSDSD* NC_001497.2:2202-...
```