



3ª Avaliação

O sequenciamento de DNA é um método que codifica a sequência de nucleotídeos que compõem qualquer material genético. Desta forma, uma sequência de DNA pode ser representada por uma sequência finita dos seguintes nucleotídeos: Adenina (A), Timina (T), Citosina (C) e Guanina (G).

Sua tarefa é escrever um programa em Dart que lide com a análise de sequências de DNA. O programa deve ser capaz de armazenar uma sequência de DNA e realizar operações básicas de manipulação dessas sequências.

REQUISITOS E FUNCIONALIDADES:

1. Desenvolva uma classe imutável *DNASequence* que armazena uma única sequência de DNA.
 - Uma exceção deve ser levantada caso a sequência seja inválida ao construir uma instância.
2. A classe *DNASequence* deve possuir um construtor *factory* que gera uma sequência de DNA aleatória a partir de seu comprimento.
3. A string de representação de uma instância de *DNASequence* deve ser a própria sequência de DNA.
4. Defina um método que retorne uma nova instância de *DNASequence* que contém a sequência de DNA atual invertida.
5. Defina um método que retorne uma nova instância de *DNASequence* composta pelo complemento da sequência de DNA armazenada na instância que faz a chamada ao método.
 - O complemento de uma base nitrogenada (A, T, C ou G) é determinado da seguinte forma: A é complementar a T, T é complementar a A, C é complementar a G e G é complementar a C.
6. Defina um método que retorna o número de ocorrências de um determinado nucleotídeo passado como parâmetro.
 - Uma exceção deve ser levantada caso o nucleotídeo informado seja inválido.
7. Deve ser escrito um programa que teste todos os métodos da classe implementada de forma clara e objetiva.
8. Todos os identificadores utilizados na aplicação devem ser definidos na língua inglesa. O código deve observar os princípios de estilo do [Effective Dart](#).
9. A aplicação deverá ser organizada em arquivos e pastas conforme a necessidade.
10. O projeto deverá ser disponibilizado em um repositório com acesso público do GitHub, com “main” como seu branch principal (default do GitHub). Qualquer outro branch não será considerado.
 - O código fonte do projeto deverá ser armazenado no GitHub (github.com) em um repositório com acesso público.

COMPOSIÇÃO DA EQUIPE:

1. A implementação poderá ser realizada em equipes de ATÉ 2 (dois) membros;
2. Os autores de cada implementação poderão ser questionados sobre o código implementado, com o objetivo de comprovar a participação de cada membro na execução do projeto;
3. A comprovação de não participação do projeto de algum membro da equipe implicará em:
 - Sua exclusão da equipe, e atribuição de nota zero;
 - Penalidade de 30% na nota da equipe.

INTRUÇÕES PARA REMESSA DO PROJETO:

- Ao finalizar o projeto, remeter o *link* do repositório para o e-mail: eyder@phb.uespi.br com o seguinte assunto: “PROG2 – AVAL3”, juntamente com os nomes dos membros da equipe no corpo do e-mail.