



دانشکده ریاضی و علوم کامپیوتر

پروژه میانترم برنامه سازی پیشرفته

Class of Life

استاد: ابراهیم اردشیر لاریجانی

توضیحات اولیه

نوکلئوتید: مولکول های سازنده RNA و DNA هستند که به صورت G و C و T و A نمایش داده می شوند.

مکمل نوکلئوتید: هر نوکلئوتید مکملی دارد که با آن پیوند شیمیایی تشکیل میدهد:
(A با T) و (C با G) مکمل یکدیگرند.

RNA: یک توالی یک رشته ای از نوکلئوتیدها.

مانند:

AATCCGATCCGCCTTA ...

DNA: یک توالی دو رشته ای از نوکلئوتیدها که رشته دوم مکمل رشته اول است.

مانند:

AATCCGATCCGCCTTA ...

TTAGGCTAGGCGGAAT...

کروموزوم: شی ای در سلول که فقط شامل یک DNA است.

برنامه اول

متغیرها و متوذهای کلاس Genome

- متغیرهای RNA و DNA.
 - متودی برای دریافت محتوای ژنی (DNA و RNA).
 - متودی برای ساخت DNA از روی RNA و چاپ آن. (باید رشته مکمل تولید شده و صرفاً چاپ شود. DNA اصلی که قبلاً ورودی گرفتید را تغییر ندهید)
 - متودی برای ایجاد جهش کوچک در DNA و RNA.
- مثال:

Method_name(A, C, n)

n تا A را پیدا کند و بجای آنها C را جایگزین کند.

توجه: در DNA که دو رشته‌ای است، در رشته دوم هم باید جفت صحیح آن جایگزین شود. در واقع در DNA به طور همزمان هر دو رشته باید پیمایش شوند.

RNA: ATCGATCG

Method_name(A, C, 2) CTCGCTCG

DNA: ACGGCCTAA

TGCCGGATT

Method_name(A, C, 2) CCGGCCGAA

GGCCGGCTT

- متودی برای ایجاد جهش بزرگ در DNA و RNA.
مثال:

Method_name(S_1, S_2) $|S_1|, |S_2| \geq 0$

به اولین زیررشته S_1 که رسید، زیررشته S_2 را جایگزین آن کند.

توجه: در DNA که دو رشته‌ای است، در رشته دوم باید مکمل S_2 جایگزین شود. همچنین در DNA هر دو رشته باید به طور همزمان پیمایش شوند. مثلاً در مثال زیر رشته TCAG اول در رشته پایین پیدا شد.

DNA: AAGTCTCAGT
TTCAGAGTCA

Method_name(TCAG, ATC) ATAGTCAGT
→ TATCAGTCA

- متودی برای ایجاد جهش معکوس.
مثال:

Method_name(S_1) $|S_1| \geq 0$

به S_1 که رسیدی، آن را در رشته معکوس کن.

توجه: در DNA که دو رشته‌ای است، در رشته دوم باید مکمل S_1 معکوس شود. همچنین در DNA هر دو رشته باید به طور همزمان پیمایش شوند.

توجه: تمام متودهای بالا باید بر روی هر دو متغیر RNA و DNA اعمال شوند.

متغیرها و متودهای کلاس Cell

- تعداد کروموزوم‌ها را (هر کروموزوم شی‌ای از Genome است) ذخیره و محتوای ژنی آنها را دریافت کند. (کروموزوم فاقد RNA است)
- متودی برای مرگ سلولی.
- اگر در کروموزومی، در بیش از 5 نقطه از DNA، پیوندی تشکیل نشده بود (یعنی مکمل آن اشتباه بود، مثلاً $\begin{smallmatrix} AAC\color{red}{A}AG \\ TTG\color{red}{G}TC \end{smallmatrix}$)، یا تعداد جفت A و T بیش از 3 برابر جفت C و G بود، شی سلول را حذف کن.
- متود جهش بزرگ را بازنویسی کنید. (همنام با متود جهش بزرگ در کلاس Genome)

مثال:

Method_name(S_1, n, S_2, m)

اولین زیررشته S_1 از کروموزوم n ام را با اولین زیررشته S_2 از کروموزوم m ام عوض کن.

n ام AC S_1 AT
 TG TA

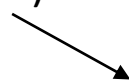
n ام AC S_2 AT
 TG TA

m ام CG S_2 AC
 GC TG

m ام CG S_1 AC
 GC TG

- متود جهش کوچک را بازنویسی کنید.

Method_name(A, C, n, m)



شماره کروموزوم

- متود جهش معکوس را بازنویسی کنید.

Method_name(S_1, n)

شماره کروموزوم

- متودی برای پیدا کردن تمام پالیندروم مکمل های به طول بیشتر از 2 در کروموزوم، و چاپ کردن آنها.

رشته‌ای را پالیندروم مکمل می‌گوییم هرگاه به این صورت باشد:

WW^R

مانند:

ATTCGAAT , AATT , CGCG , ...

مثالی از پیدا کردن تمام پالیندروم مکمل های به طول بیشتر از 2 در یک رشته:

AATTAAGCTC

این برنامه را در فایل‌های Cell.cpp و Cell.h ذخیره کنید.

برنامه دوم

متغیرها و متدهای کلاس Animal

- متدی برای محاسبه درصد تشابه ژنتیکی.
محتوای ژنتیکی کروموزوم‌های دو جاندار را مقایسه کنید و درصد تشابهی را خروجی دهید.
نکته: می‌توانید از الگوریتم‌های ابتکاری و یا الگوریتم‌های موجود استفاده کرده و طبق الگوریتم استفاده شده به شما نمره امتیازی هم تعلق خواهد گرفت.
- بازنویسی اپراتور == برای تشخیص یک گونه بودن.
اگر محتوای ژنتیکی دو Animal بیش از 70 درصد شباهت داشت و تعداد کروموزوم‌ها برابر بود، هردو از یک گونه هستند، پس در نتیجه true بر می‌گرداند.
- متدی برای تولید مثل غیرجنسی.
این متد تعداد کروموزوم‌ها را دو برابر می‌کند (2n) و نیمی از آنها (n) را به صورت رندوم انتخاب کرده و سپس شی‌ای دیگر برمی‌گرداند. رندومایز کردن شما باید به گونه‌ای باشد که فرزند تولید شده درصد تشابه بیش از 70 درصد با والد خود داشته باشد.
- بازنویسی اپراتور + برای تولید مثل جنسی.

obj1 + obj2

obj1 و obj2 ابتدا هر کدام تولید مثل غیر جنسی انجام می‌دهند و در نتیجه دو شی هر کدام با n کروموزوم پدید می‌آیند. سپس نصف کروموزوم‌ها از شی اول و نصف از شی دوم به طور رندوم انتخاب می‌شوند. اپراتور باید بچه آنها را خروجی دهد. رندومایز کردن شما باید به گونه ای باشد که فرزند تولید شده درصد تشابه بیش از 70 درصد با والد خود داشته باشد.

توجه: اگر n فرد بود تولید مثل جنسی انجام نمی‌شود.

- بازنویسی متد مرگ سلولی.

به صورتی که بعد از انجام آن کروموزومی که در آن مشکل وجود داشت حذف شود.

متغیرها و متدهای کلاس Virus

(امتیازی)

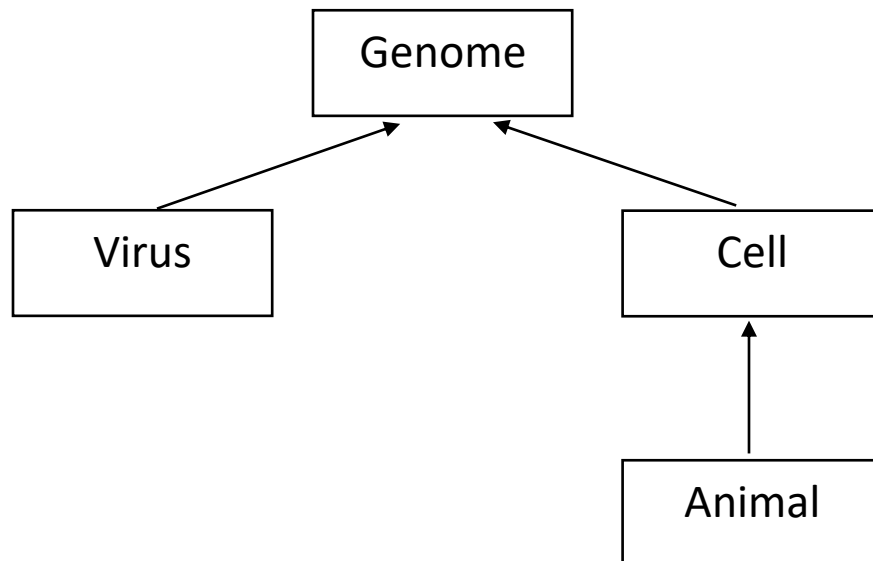
- ویروس‌هایی که در این کلاس می‌سازیم فقط حاوی RNA هستند.
 - کلاس Virus دوست (friend) کلاس Animal است.
 - متدی برای تشخیص مضر بودن ویروس.
- زمانی ویروس باعث بیماری در یک Animal می‌شود که بزرگ‌ترین زیررشته مشترک کروموزوم‌های Animal، خودش یا مکملش یک زیررشته از RNA ویروس باشد.

این برنامه را در فایل‌های **Animal.cpp** و **Animal.h** ذخیره کنید.

نکات کلیدی

1. برنامه‌ی شما باید user-friendly باشد. یعنی شامل منوی باشد که تمام متدهای بالا را بتوان اجرا کرد (ساخت اشیاء، اعمال جهش و ...) و بعد از اعمال هر متدی اثر آنرا بتوان مشاهده کرد.
2. این منو باید در فایل `main.cpp` نوشته شود. هر جا که نیاز بود فایل‌های هدر را اینکلود کنید.
3. پروژه باید در قالب تیم‌های دو نفره انجام شود.
4. استفاده از `Git` و `GitHub` اجباری است. برای دوستانی که با آنها آشنایی ندارند کلاس برگزار خواهد شد.
5. کامنت گذاری و نوشتن کد تمیز (`clean code`) الزامی است.
6. استفاده از الگوریتم‌های بهینه مثل `kmp` امتیازی است.
7. در هنگام ارائه، هر دو نفر باید توانایی توضیح و تغییر کد را داشته باشند.
8. ترتیب ارث‌بری‌ها که در نمودار صفحه بعد نشان داده شده را نیز رعایت کنید.

OOP inheritance diagram



موفق باشید

تیم حل تمرین برنامه سازی پیشرفته