

Lista de Exercícios V – TAD Fila

As questões de 01 a 05 devem ser resolvidas utilizando apenas o **TAD Fila** dado em sala de aula; sem fazer qualquer modificação nas suas funções. O aluno poderá, entretanto, criar funções no seu programa principal.

- Gerar uma fila com **n** elementos inteiros e distintos, com valores aleatórios de **1 a 2n**.
- Gerar uma fila com **n** elementos inteiros, com valores aleatórios de **1 a 10**, de forma que os elementos sejam retirados da fila em ordem crescente de valor.
- Desenvolva uma solução para o chamado **problema de Josephus**. Este problema pode ser visto como um processo de eleição de um líder. **N** pessoas (identificadas por números de **1 a N**, em ordem) elegem um líder colocando-se em círculo e contando sempre até um número **M**. A pessoa que estiver na posição **M** é eliminada do círculo e a contagem recomeça no indivíduo seguinte. O processo termina quando restar apenas uma única pessoa, que será o líder.
- Solicitar que o usuário digite os **N** elementos de duas filas de inteiros. Em seguida, dizer se elas possuem ou não os mesmos elementos.
- Proponha um programa em C para fazer a tradução de uma cadeia de DNA e apresentar a sequência de aminoácidos produzida. As cadeias devem ser representadas em filas.

Primeiro deve ser fornecida uma cadeia de DNA (molde) para que seja verificada se esta é ou não válida (se possui apenas as bases a, t, g, c). Caso seja uma cadeia de DNA válida, esta deve ser traduzida para uma cadeia de RNAm (mensageiro). A partir desta cadeia de RNAm, deve ser selecionada a parte que será utilizada na síntese protéica. Esta cadeia deve começar na primeira ocorrência da tríade **aug** (metionina) e terminar antes da ocorrência de uma das tríades de parada (**uac, uaa, uga**), ou quando não houver mais tríades. Selecionada a cadeia, verificar a sequência de aminoácidos que se ligará a ela, conforme a tabela a seguir:

TRIADES	AMINOÁCIDOS	ORIENTAÇÕES
UUU UUC	Fenilalanina	<ul style="list-style-type: none"> Guardar as bases (caracteres) em uma fila (DNA). Gerar a fila de RNA com base na do DNA. Selecionar a cadeia a ser traduzida (após o códon inicial AUG, selecionar as bases em grupos de 3 até que se encontre um dos códons de parada (UAA, UAG, UGA) ou quando houver menos de 3 bases após a última tríade selecionada. As tríades devem ser armazenadas em uma outra fila. Apresentar a sequência de aminoácidos que será sintetizada. (Fazer uma função que receba três bases como parâmetro de entrada, e retorne o nome do aminoácido correspondente). <p>Exemplo:</p> <p>DNA: A T A C T C G T A A T T C A C T C</p> <p>RNA: U AUG AGC AUU AAG UGA G</p> <p>Aminoácidos: Metionina Serina, Isoleucina e Lisina</p>
UUA UUG	Leucina	
UGG	Triptofano	
UGU UGC	Cisteína	
UCU UCC UCA UCG	Serina	
UAU UAC	Tirosina	
UAA UAG UGA	PARADA	
CUU CUG CUA CUC	Leucina	
CCU CCC CCA CCG	Prolina	
CAU CAC	Histidina	
CAA CAG	Glutamina	
CGU CGC CGA CGG	Arginina	
AUU AUC AUA	Isoleucina	
AUG	Metionina	
ACU ACC ACA ACG	Trionina	
AAU AAC	Aspargina	
AAA AAG	Lisina	
AGU AGC	Serina	
AGA AGG	Arginina	
GUU GUC GUA GUG	Valina	
GCU GCC GCA GCG	Alanina	
GAU GAC	Ácido Aspártico	
GAA GAG	Ácido Glutâmico	
GGU GGC GGA GGG	Glicina	

- Implementar uma DEQUE (Double Ended Queue) com alocação dinâmica. O aluno deve pesquisar sobre a estrutura e comportamento (funções) deste tipo de estrutura de dados.