

# O Sentido da Vida

---

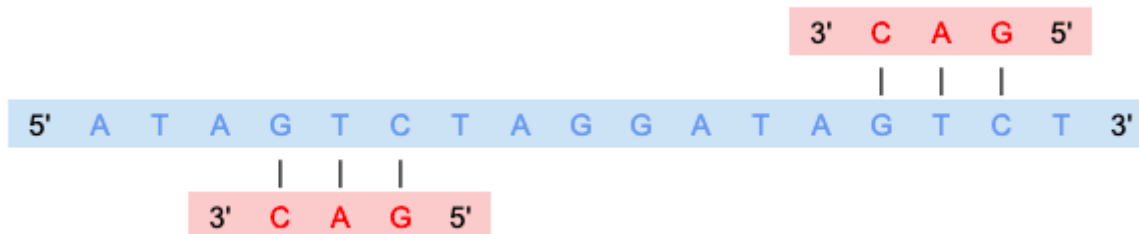
Uma fita de DNA, ou cadeia de polinucleotídeos, é representada por uma extremidade inicial (chamada de extremidade 5'), uma sequência de caracteres que representam os nucleotídeos que formam a estrutura dessa cadeia, e a extremidade final (chamada de extremidade 3'). As letras possíveis são A, G, C, e T, que representam, respectivamente, as bases Adenina, Guanina, Citosina, e Timina. Computacionalmente, podemos representar uma fita com  $n$  nucleotídeos como uma string de  $n+2$  posições (os caracteres 5 e 3 são usados para representar as extremidades iniciais e finais, respectivamente).

Em genética, um *primer* é uma sequência curta de nucleotídeos que é fundamental para o início da replicação de DNA. Assim como uma fita de DNA, um *primer* também é representado por uma extremidade inicial (5'), uma série de letras, e uma extremidade final (3').

Um *primer* se liga à fita de DNA por emparelhamento de bases complementares, sempre na direção oposta à da fita. As bases emparelham-se com as respectivas bases complementares: Adenina (A) com Timina (T), Citosina (C) com Guanina (G). Sequências de DNA (assim como os *primers*) devem ser sempre lidos no sentido 5' -> 3', também chamado de "o sentido da vida". Para verificar onde uma *primer* se liga numa fita de DNA, é necessário considerar a ordem reversa do *primer*, já que ambas as sequências são lidas no "sentido da vida". Ou seja, se o DNA for lido da esquerda para a direita, então o *primer* deverá ser lido da direita para esquerda.

Neste laboratório, dados uma fita de DNA e um *primer*, o seu programa deve indicar em quais posições o *primer* se liga a fita de DNA ou se não existem tais posições. Neste caso, a posição deve levar em conta apenas a sequência de nucleotídeos (ignorando os caracteres que representam as extremidades) e considerando a posição inicial do *primer*, assumindo que a primeira base do DNA é a posição 1.

Como exemplo, dada a fita 5ATAGTCTAGGATAGTCT3, o *primer* 5GAC3 se liga nas posições 4 e 14 (considerando a primeira base do *primer*).



Exemplos de entradas e saídas esperadas pelo seu programa:

## Teste 01

### Entrada

```
5ATAGTCTAGGATAGTCT3
5CAG3
```

### Saída

Nenhuma ligacao

## Teste 06

### Entrada

```
5TACCGCTAGCGCGGAATGGTTACTACCA3
5GTA3
```

### Saída

```
Ligacao na posicao 1
Ligacao na posicao 21
Ligacao na posicao 24
```

## Teste 04

### Entrada

```
5AGGAGACTTTCACACTACACA3
5GTG3
```

### Saída

Ligacao na posicao 11

Ligacao na posicao 18

## Teste 09

### Entrada

```
5GTATCAGCTGTATGCCTACATAAATCGCT3  
5TAC3
```

### Saída

Ligacao na posicao 1  
Ligacao na posicao 10

## Código Base

---

No arquivo auxiliar lab08.py você irá encontrar um código base para dar início ao processo de elaboração deste laboratório.

## Orientações

---

- Veja [aqui](#) a página de submissão da tarefa.
- O arquivo a ser submetido deve se chamar lab08.py.
- No link "Arquivos auxiliares" há um arquivo compactado (aux08.zip) que contém todos os arquivos de testes abertos (entradas e saídas esperadas).
- O laboratório é composto de 10 testes abertos e 10 testes fechados.
- O limite máximo será de 20 submissões.
- Acesse o sistema SuSy com seu RA (apenas números) e a senha que você utiliza para fazer acesso ao sistema da DAC.
- Você deve seguir as instruções de submissão descritas no enunciado.
- Serão considerados apenas os resultados da última submissão.
- Esta tarefa tem peso 2.
- O prazo final para submissão é dia 24/10/2021 (domingo).