MC202GH - Estrutura de Dados - Turmas G e H

Laboratório 1 - Busca de "motifs"

Docente: Marcelo da Silva Reis

Monitores PED: Cristiano Gabriel de Souza Campos

Heigon Alafaire Soldera Pires

Monitores PAD: Gabryel Rodrigues Alves Da Silva

Hermes Shimidu

6 de setembro de 2023

Data de entrega: 25/08/2023

Entrega no GitHub Classroom¹

Informações gerais

O presente laboratório tem como objetivo avaliar conceitos elementares da liguagem de programação C, com foco na manipulação de cadeias de caracteres (strings), o que inclui o tipo char e o uso da tabela ASCII. Para isso, é proposto um problema clássico em Bioinformática, a busca de um padrão ("motif") de nucleotídeos em uma sequência genômica.

Importante 1: Neste laboratório será permitido o uso apenas da biblioteca stdio.h. Em particular, não será permitido o uso da biblioteca string.h. Além disso, para compilar o código, use o compilador gcc com as seguintes flags:

```
gcc -Wall -Werror -std=c99 cprograma>.c -o cprograma>
```

Importante 2: Todas as instâncias que envolverem vetores de caracteres não excederão 1000 caracteres. Recomenda-se que usem a diretiva #define para definir o tamanho máximo da sequência (e.g. #define MAX_SEQ_SIZE 1000).

Importante 3: Deve-se considerar entradas contendo letras maiúsculas e minúsculas (i.e. "TTC" equivale a "TtC"), sendo aconselhável criar uma função que converta as letras para o minúsculo. Não é necessário verificar se a entrada contém caracteres que não sejam letras ou quebra de linha ('\n').

¹Link para submissão será divulgado em breve.

Sequências genômicas e expressões regulares

Motivos (*motifs*, em inglês) são pequenos padrões de sequências que se repetem em sequências maiores de nucleotídeos ou de aminoácidos. Em sequências genômicas, motivos podem estar associados a diversas funções bioquímicas. Genomas são constituídos de cadeias de bases nitrogenadas (ou simplesmente bases): adenina (A), citosina (C), guanina (G) e timina (T).

Podemos buscar tais motivos utilizando expressões regulares (regexp), que são uma ferramenta poderosa para busca de strings, o que inclui sequências genômicas. Para este laboratório, utilizaremos apenas coringa e quantificadores.

Coringa (Wildcard)

Trata-se de um símbolo (.) ² que significa qualquer caracter. Por exemplo, "a.b" é uma expressão regular que casa com qualquer cadeia que comece por a, seguida de qualquer caractere, e então b.

Quantificadores

São modificadores que especificam quantas vezes o caractere que o precede deve repetir. Os modificadores que utilizaremos neste laboratório são:

- ?: Indica zero ou uma ocorrência do caractere que o precede. Por exemplo, colou?r casa com colour e também com color;
- *: Indica zero ou mais ocorrências do caractere que o precede. Por exemplo, ab*c casa com ac, com abc, com abbc, com abbc, etc;
- +: Indica uma ou mais ocorrências do caractere que o precede. Por exemplo, ab+c casa com abc, com abbc, com abbc, etc.

Busca de motivos em texto usando regexp

Quando utilizamos uma regexp para procurar um motivo no texto, a mesma é "gulosa"; ou seja, se eu avaliar a string abbbcd com ab*c, será registrado o casamento somente para abbbc.

Enunciado

Escreva uma função busca_motivo, prototipada como:

```
unsigned int busca_motivo (char s[], char m[]);
```

que recebe dois vetores de caracteres, s (sequência de nucleotídeos de até 1000 bases) e m (motivo em regexp) edevolve um inteiro não-negativo contando o número de ocorrências de m em s. O seu programa deve supor que a cadeia de caracteres em s tem tamanho igual ou maior do que a contida em m. Por exemplo, se s é igual a:

TCAAAAAAGGGCGGGGATGAAAAT

e m é dado por:

T.?C*A+

Então a sua função deverá devolver 3.

 $^{^2\}mathrm{Em}$ regexp, o símbolo padrão para o coringa é o ponto e não o asterisco visto em aula.

Avaliação

A implementação do quantificador + é obrigatória, e o seu código deverá passar por todos os testes que envolvam o seu uso.

Já as implementações dos demais quantificadores (? e *) e do coringa (.) são opcionais. Implementações corretas desses itens valem meio ponto cada (ou seja, se implementar todos eles corretamente então você ganha 1,5 ponto de bônus na nota deste laboratório).