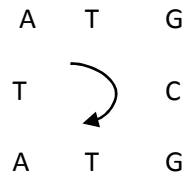


Laboratorio de Algoritmos y Estructura de Datos
Práctica 9. Listas circulares

Práctica No. 9 Listas circulares

Competencia: *Implementar soluciones creativas de software a problemas de manejo de información utilizando eficientemente como estructura de datos las listas enlazadas circulares.*

Una cadena de ADN se representa como una secuencia circular de bases (adenina, timina, citosina y guanina) que es única para cada ser vivo, por ejemplo:



Esta cadena se puede representar con una lista de tamaño máximo indefinido de bases que se recorre sentido horario desde la parte superior izquierda, la cadena de la figura sería:

A T G C G T A T

La secuencia de ADN es cíclica, por lo que puede comenzar en cualquier posición. Por ejemplo, las dos secuencias siguientes coinciden:

A T G C G T A T

A T A T G C G T

Se pide implementar una aplicación para comparar una secuencia de ADN de un individuo y determinar si coincide con la de otra persona. Se desea que la aplicación cuente con las siguientes opciones:

- 1) Agregar muestra ADN original
 - 2) Agregar muestra ADN prueba
 - 3) Comparar muestras
 - 4) Salida
-
- Expresar el resultado en porcentajes de coincidencias, por ejemplo si 14 de 16 bases coincidieron el resultado es 87.5% de compatibilidad.
 - La cadena solo puede estar formada por caracteres A T G C
 - Las cadenas no necesariamente deben ser del mismo tamaño
 - La cantidad de bases de la segunda cadena debe ser múltiplo de la primera, por ejemplo si la primera cadena es de 5 bases la segunda debe ser de 5,10,15, etc.

- Ambas cadenas deben ser de mínimo 4 caracteres
- El tamaño máximo de las cadenas es variable
- Todas las operaciones deben estar implementadas en varias funciones que hacen solo 1 tarea.

El programa debe repetirse n veces.

- El programa puede ser en cualquier lenguaje C o Java, en modo texto o modo gráfico.
- La buena presentación de su práctica será tomada en cuenta para la evaluación.
 - El programa debe estar escrito utilizando el estándar ANSI C.