

SAKARYA ÜNİVERSİTESİ BİLGİSAYAR VE BİLİŞİM BİLİMLERİ FAKÜLTESİ BİLGİSAYAR MÜHENDİSLİĞİ BÖLÜMÜ

Veri Yapıları

1. Ödev

Dersi Veren: Muhammed Fatih ADAK

Dersi Alan : Şimal Ece KAZDAL

Ders Grubu: 2B

Öğrenci No : G221210068

Ödevde İstenenler: Ödevde bağlı listeler kullanılarak örnek bir DNA düzeni üzerinde işlemler yapmamız isteniyor. Burada dosyadan veri okuma, bağlı listeye ekleme, bu veriler üzerinde işlem yapıp saklama gibi işlemler bekleniyor.

Ödevde Öğrendiklerim: Bağlı listelerin kullanımı konusunda deneyim kazanmamı ve ayrıntılarını öğrenmemi sağladı.

Ödevde Yaptıklarım:

DNA.hpp/DNA.cpp:

<u>DNA::DNA()</u>: Kurucu fonksiyon olup sınıfın bir örneğini oluşturmayı sağlar. Buradaki "bas" diye tanımladığım değer başlangıç noktasını ifade eder ve bu değeri başta nullptr olarak ayarlayarak başlangıçta boş olduğunu gösterir.

<u>void DNA::ekle(Kromozom* kromozom):</u> Bu fonksiyon yeni bir kromozom ekleneceği zaman bunu DNA'nın sonuna eklemeyi sağlar. DNA başta boş ise o kromozom "bas" kabul edilir. Başka kromozom var ise sona eklenir.

void DNA::caprazla(int idx1, int idx2): "idx1" ve "idx2" belirtilen kromozomları ifade eder. Kromozomları gen sayısına bakarak ikiye ayırıp İlk kromozomun ilk yarısı ve ikinci kromozomun ikinci yarısı alınarak yeni bir kromozom "yeniKromozom1", ikinci kromozomun ilk yarısı ve ilk kromozomun ikinci yarısı ile başka bir kromozom "yeniKromozom2" oluşturulur. Oluşan bu iki kromozom da DNA'nın sonuna eklenir.

<u>void DNA::mutasyon(int kromldx, int genldx)</u>: "kromldx" ile istenen kromozom bulunur. "genldx" ile belirtilen pozisyondaki gen değiştirilir ve 'X' karakteri ile mutasyona uğratılır. Oluşturulan yeni kromozom DNA'nın sonuna eklenir.

<u>void DNA::otomatikIslem(const string& dosyaAdi)</u>: İlk olarak "Islemler.txt" açılır ve her satır okunur. Her satırda işlem türü ve indeks bilgileri "idx1", "idx2" bulunur. 'C' ise, caprazla fonksiyonu; 'M' ise, mutasyon fonksiyonu çağrılarak işlemler yapılır.

<u>void DNA::ozelYazdir() const :</u> Her kromozom için en soldaki "ilk" gen referans olarak alınır. Sonrasında bu değer ile kromozomun en sağındaki değerden başlanarak sola doğru sırayla kıyaslama yapılır. İlk değerden küçük değer ile karşılaşılırsa bu değer ekrana yazdırılır ve sonraki kromozoma geçilir. DNA bitene kadar bu işlemler devam eder.

<u>void DNA::yazdir() const:</u> DNA'daki her kromozomu sırayla ekrana basar ve her kromozomun "yazdir" fonksiyonunu çağırır.

<u>DNA::~DNA()</u>: Yıkıcı fonksiyon olup DNA'daki tüm kromozomları sırayla siler ve belleği temizler.

Gen.hpp/Gen.cpp: Gen sınıfını veri taşıyan sınıf olarak tanımladım. O yüzden sadece yapıcı fonksiyonu tanımladım. Burada başka işlem yapılmıyor.

Kromozom.hpp/Kromozom.cpp:

Kromozom::Kromozom(): bas(nullptr), sonraki(nullptr) {}: "bas" işaretçisi, Kromozomdaki ilk geni göstermek için kullanılır ve başlangıçta nullptr olarak ayarlanır. "sonraki" işaretçisi de nullptr olarak ayarlanır bu durum diğer kromozomlarla bağlantı kurulmadığını gösterir.

void Kromozom::ekle(char veri): İlk olarak, Gen sınıfından yeni bir nesne oluşturuluyor ve ona eklenmek istenen "veri" değeri atanıyor. Eğer kromozom başlangıçta boşsa "bas" işaretçisi nullptr, bu yeni Gen "bas" işaretçisi tarafından gösterilecek şekilde ayarlanır. Eğer kromozom boş değilse "temp" adlı geçici pointer ile listenin sonundaki gene kadar gidilir. Yeni Gen nesnesi son gene eklenir. Bu yeni genin "onceki" işaretçisi, önceki son gene ayarlanarak çift yönlü bir liste yapısı oluşturulur.

<u>void Kromozom::yazdir() const:</u> "temp" adlı geçici bir işaretçi ile "bas" işaretçisinden başlayarak her gene sırayla ulaşılır. Her bir genin "veri" değeri, ekrana boşluklarla ayrılarak yazdırılır. Genlerin sonuna gelene kadar bu işlem devam eder.

<u>Kromozom::~Kromozom():</u> Bu yıkıcı fonksiyon kromozom nesnesi silindiğinde çalışır ve bellekteki kaynakları serbest bırakır.

Main.cpp:

<u>void dosyadanOku(DNA &dna, const string &dosyaAdi)</u>: Bu fonksiyon, "Dna.txt" dosyasından verileri okuyarak DNA sınıfını oluşturur.

<u>main fonksiyonu</u>: Her satır yeni bir Kromozom nesnesini temsil eder, bu yüzden her satır için bir Kromozom nesnesi oluşturulur. Kromozom nesnesine genler eklenir ve ardından bu kromozom DNA nesnesine eklenir. İşlem bittiğinde dosya kapatılır. Sonrasında main fonksiyonu içerisinde switch/case yapısı ile oluşturulan menüde sırayla istenen işlemler yapılır. Hangi seçenek seçildiyse onunla ilgili fonksiyonlar çağırılır ve işlemler gerçekleştirilir.

Kod üzerinde neler yaptığımı yorum satırları ile de belirttim.

Benioku.txt'de bazı ayrıntıları belirttim.