

fundamentos de estructura de datos

Proyecto N° 1

Programa: Archivo de secuencia genéticas

Jhon Fredi Avila Vera ID: 605135 NRC: 5818

* Entrada:

- No se ingresa ningun dato por consola

* Proceso: Metodos y funciones (recursiones)

- getNeucleotide $\begin{cases} A, & \text{si } c = 0 \\ C, & \text{si } c = 1 \\ G, & \text{si } c = 2 \\ T, & \text{si } c = 3 \end{cases}$
- sequence (int length) $\begin{cases} \text{getNeucleotide, si } \text{length} = 1 \\ \text{getNeucleotide} + \text{sequence}(\text{length} - 1) \text{ si no} \end{cases}$
parametros \uparrow
- Cada par de (23) x, y "chr" cromosoma
base: 1000000 Inicio 1000
- un for que recorra 1 en 1 hasta base
- Verifique candidato (motif) $\begin{cases} \text{this} \cdot \text{motif}_{\text{max}}, & b > \text{max} \text{ si} \end{cases}$
- Combinations (subsequence, size) $\begin{cases} \text{subsequence} + A, C, G, T, & \text{si } \text{size} = 1 \\ \text{combinations}(\text{sequence} + "A", \text{size} - 1), & \text{si no} \end{cases}$

* Salida:

- Secuencias genéticas con el patron que más se repite