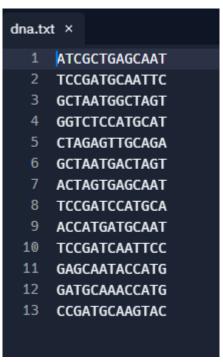
Relatório Projeto Símios

O projeto tem como objetivo receber uma matriz que será o DNA de um humano ou símio, o tamanho da matriz é predefinida pelo usuário através de um segundo arquivo .txt, onde ele deve digitar a matrix de que forma ela seja, podendo ser de qualquer tamanho apenas possuindo caracteres que sejam C,T,G ou A de formas maiúsculas.



Acima pode se encontrar o exemplo do arquivo de envio de DNA, que possui um tamanho de 13 por 13, onde possui apenas caracteres A,C,T ou G

```
1 #include <stdio.h>
2 #include <stdlib.h>
3 #include <string.h>
4 #include <errno.h>
5 #include <stdbool.h>
6
```

Foram importadas bibliotecas padrão e algumas extras como a <string.h> que foi utilizada para a ser feito a comparação de strings de uma forma correta, algumas outras foram adicionadas para erros, e para a manipulação de variáveis.

```
char **leMatriz(size_t *, size_t *, char *);
   void imprimeMatriz(char**, size_t, size_t);
   void liberaMatriz(char**, size_t);
   int analisaMatriz (char**, size_t, size_t);
11
   int analisaLinhasSubMatriz(char**, int, int, size_t, size_t);
12
   int analisaColunasSubMatriz(char**, int, int, size_t, size_t);
13
   int analisaDiagonalPrincipalSubMatriz(char**, int, int, size_t, size_t);
   int analisaDiagonalSecundariaSubMatriz(char**, int, int, size_t, size_t);
15
   void simioDetectado(char**, int, int, int, size_t, size_t);
   void linhaDetectada(char**, int, int, size_t, size_t);
   void colunaDetectada(char**, int, int, size_t, size_t);
   void diagonalPrincipalDetectada(char**, int, int, size_t, size_t);
   void diagonalSecundariaDetectada(char**, int, int, size_t, size_t);
```

A prototipação foi utilizada para um melhor entendimento do código e também para uma usabilidade melhor durante o projeto, sendo assim mais fácil acesso as variáveis.

```
char arquivo[256];

printf("Digite o nome do arquivo contendo o DNA (Ex: dna.txt): ");
scanf("%s", arquivo);

char** matriz = leMatriz(&col, &lin, arquivo);

if(matriz == NULL) {
   fprintf(stderr, "nao foi possivel ler metriz\n");
   return 1;
}
```

Nessa parte do código é onde se encontra a leitura do arquivo externo do DNA, onde se deve receber um arquivo, que pode possuir qualquer nome apenas sendo extensão .txt, mas se o arquivo que for lido e estiver vazio retorna um erro que não foi possível ler a matriz.

```
char **leMatriz(size_t *linhas, size_t *cols, char *filename) {
  if (linhas == NULL || cols == NULL || filename == NULL)
    return NULL;

  *linhas = 0;
  *cols = 0;

FILE *fp = fopen(filename, "r");

if (fp == NULL) {
  fprintf(stderr, "nao foi possivel abrir %s: %s\n", filename, strerror(errno));
  return NULL;
}
```

Aqui é onde se encontra a principal parte da leitura da matriz, onde será recebido os valores do arquivo externo e transferido seus valores, onde possui uma menssagem de erro se não for possível abrir o arquivo de texto.

```
int analisaMatriz (char** matriz, size_t lin, size_t col) {
  int i, j;
  int isSimian = 0;
  for (i = 0; i < lin - 3; i++ ) {
    for (j = 0; j < col - 3; j++ ) {
      isSimian = analisaLinhasSubMatriz(matriz, i, j, lin, col);
      if (isSimian == 1) return 1;

      isSimian = analisaColunasSubMatriz(matriz, i, j, lin, col);
      if (isSimian == 1) return 1;

      isSimian = analisaDiagonalPrincipalSubMatriz(matriz, i, j, lin, col);
      if (isSimian == 1) return 1;

      isSimian = analisaDiagonalSecundariaSubMatriz(matriz, i, j, lin, col);
      if (isSimian == 1) return 1;
    }
}
return isSimian;
}</pre>
```

Na função analisa matriz =, está sendo recebido a matriz é feito a comparação com cada parte do código, assim como as linhas, as colunas, e as diagonais principal e secundária.

```
void simioDetectado(char** mat, int i, int j, int identificador, size_t lin, size_t col) {
    switch (identificador) {
    case 0:
        linhaDetectada(mat, i, j, lin, col);
        break;

    case 1:
        colunaDetectada(mat, i, j, lin, col);
        break;

    case 2:
        diagonalPrincipalDetectada(mat, i, j, lin, col);
        break;

    case 3:
        diagonalSecundariaDetectada(mat, i, j, lin, col);
        break;
```

em Símio Detectado, é aonde ele vai dizer onde que a sequência genética repetida com 4 caracteres se foi na linha, coluna ou diagonal principal, ou na diagonal secundária, e se for encontrado o sequência em qualquer uma estando na ordem da imagem o código já para e acusa que é símio, exibindo a matriz, com as letras coloridas da repetição.

Aqui se encontra o exemplo de detecção da diagonal secundária, onde a função está recebendo a matriz, as linhas, as colunas e tudo, ele vai fazer a comparação para descobrir se há a repetição do mesmo carácter, imprimindo as letras coloridas da diagonal onde ela foi encontrada.

```
int isSimian = analisaMatriz(matriz, lin, col);
if (isSimian == 0) {
   printf("DNA pertence a um humano!");
}
liberaMatriz(matriz, lin);
return 0;
}
```

Caso não ocorra nenhuma detecção no DNA ele apenas retorna uma mensagem dizendo que o DNA pertence a um humano, e libera a memória da matriz, para não sobrecarregar a memória do código ficando pesado.