

Universidade de São Paulo – USP

Trabalho de Laboratório de Introdução às Ciências da Computação:

CONVERSOR DE DNA

Documento Final

Sergio Zumpano Arnosti – 7573336

Danillo Badolato Athayde – 7656432

Prof. Seiji Isotani

São Carlos-SP/ 2011

Comentários e Desafios superados

Foi muito interessante realizar este trabalho, pois conseguimos aprender muito sobre como modularizar as diferentes funções, trabalhar com ponteiros e alocar dinamicamente a memória, algo que não estávamos familiarizados.

O programa foi dividido em três arquivos (.c) diferentes para facilitar o manejo do código e sua leitura, o primeiro, chamado DNA.c contém a função main() e outras funções que coordenam os menus. O segundo, chamado DADOS.c contém as principais funções utilizadas no programa que formam as outras seqüência e a proteína. O terceiro, por fim, contém os menus principais, ajuda e sobre. Além disso, o programa acompanha três arquivos de texto importantes, um chamado SEQUENCIA_DNA.txt onde pode ser inserida a fita principal do DNA, outro chamado TAB_AMINO.txt que contém as combinações de códons do RNA e aminoácidos correspondentes e por fim o arquivo RESULTADOS.txt onde são salvos os resultados finais que o usuário consultou.

Outro ponto importante é que trabalhamos a todo o momento com cadeias de caracteres (strings), o que não foi muito fácil, pois este tipo de variável demanda alocar corretamente o espaço na memória utilizando ponteiros e as funções de alocamento dinâmico (malloc(), calloc()) , utilizando antes vetores temporários para armazenamento da cadeia fornecida pelo usuário.

Um dos desafios superados foi a criação dos menus com um tratamento especial caso o usuário digitasse uma opção inválida. Para isso utilizamos a função fflush() para limpar a entrada do teclado e corrigir o problema da função scanf() quando digitada uma letra ao invés de número.

Para construção dos menus e atribuição de instruções a cada opção foi utilizada a função switch(). Caso o usuário digite uma opção inválida, criamos pequenas rotinas que mostram o menu reiniciando, fazendo assim um programa mais interativo e inteligente.

Outro tratamento foi feito para a seqüência do DNA fornecida manualmente pelo usuário. Limitamos ela a 300 bases nitrogenadas e fizemos uma rotina para detectar letras inválidas, uma vez que a probabilidade de digitar algo errado pelo teclado é alta. Já a seqüência fornecida em arquivo não tem limite de bases.

O banco de dados do programa contém 63 combinações de códons e seus aminoácidos correspondentes. Optamos por carregar o banco apenas quando o usuário ativa a função de formação da proteína. Quanto a esta função o maior desafio foi promover a comparação entre as trincas de bases do banco de dados e a seqüência fornecida pelo usuário. Para isso precisamos utilizar vetores temporários para armazenar três bases da seqüência fornecida por vez e comparar com o banco. Para verificar se as trincas são iguais, utilizamos a função strcmp() presente na biblioteca <string.h> e se fossem iguais, o programa imprime o aminoácido correspondente àquele códon,

formando assim a seqüência de aminoácidos (proteína). Outro problema é que existem os códons que param a produção da proteína, conhecidos como códons de finalização (STOP), por isso precisamos também colocar algumas condições e nesse caso quando encontrado algum desses códons na seqüência fornecida, a proteína é finalizada com o STOP.

Salvar as informações em arquivo (.txt) também não foi fácil, principalmente organizar as informações dentro do arquivo. Por isso, foi importante utilizar os modos "w" e "a+" para leitura e escrita do arquivo RESULTADOS.txt, utilizamos primeiramente a função "w" para que toda vez que o programa iniciasse fosse gravado novos resultados, e a função "a+" para que os resultados fossem gravados sempre no final do arquivo em seqüência.

Concluindo, conseguimos superar todos os desafios propostos, além de deixar o programa simples e o código bem organizado e modularizado. Ressaltando que conseguimos aplicar e aprender muito sobre os conceitos e funções passadas em aula sobre a linguagem C, além disso, tivemos a oportunidade de aprender um pouco mais sobre outro assunto muito interessante, a genética.