MAC 115 – Introdução à Computação

INSTITUTO DE QUÍMICA – PRIMEIRO SEMESTRE DE 2000

Terceira Prova – 26 de junho de 2000

Nome do aluno: ______________________________________

Assinatura: ____

Instruções:

1. Não destaque as folhas deste caderno.
2. Preencha o cabeçalho acima.
3. A prova pode ser feita a lápis. Cuidado com a legibilidade.
4. A prova consta de 3 questões. Verifique antes de começar a prova se o seu caderno de questões está completo.
5. Não é permitido o uso de folhas avulsas para rascunho.
6. Não é permitido a consulta a livros, apontamentos ou colegas.
7. Não é necessário apagar rascunhos no caderno de questões.

DURAÇÃO DA PROVA: 1 hora e 20 minutos

Questão	Nota
1	
2a	
2b	
3	
Total	

1. (Valor 3.5 pontos)

   Dizemos que uma seqüência de números inteiros é **serrilhada** se o primeiro elemento é menor que o segundo, o segundo é maior que o terceiro, o terceiro menor que o quarto, o quarto maior que o quinto, o quinto menor que o sexto e assim por diante.

   Exemplos:

   A seqüência 4, 23, 12, 20, -1, 10, 4 é serrilhada.

   A seqüência 3, 24, 27, 12 não é serrilhada.

   A seqüência 12, 6, 18, -3, 5, 0, 13 não é serrilhada.

   Faça um programa que lê um inteiro $n > 2$ e uma seqüência com n inteiros, e verifica se a seqüência é serrilhada.

2. (valor 2+2 pontos)
   a. Faça uma função real `expo` que recebe um número real x e um inteiro $k > 0$ e devolve uma aproximação de e^x dada pelos k primeiros termos da série:

$$e^x = 1 + x + \frac{x^2}{2!} + \frac{x^3}{3!} + \ldots + \frac{x^i}{i!} + \ldots$$

b. Faça um programa que leia os números reais x e y e um inteiro $k > 0$ e imprima uma aproximação para e^{x-y} dada pelos k primeiros termos da expansão da série mostrada no item a.

Utilize necessariamente a função feita no item anterior, mesmo que você não a tenha feito. Não é necessário copiar a função novamente neste item.

3. (Valor 3.5 pontos)
   Faça um programa que leia uma seqüência de bases de um DNA, e determina qual o aminoácido que pode ser codificado mais freqüentemente nesta seqüência.

   Exemplo: Para a seqüência genética

   $$at\underline{tca}acgtaa\underline{tc}\overline{\underline{a}gc}gtgcccaat\underline{agc}aat\underline{tca}t$$

   a resposta deve ser `F (tct, tcc, tca, tcg,agt, agc)` uma vez que o aminoácido pode ser codificado 5 vezes na seqüência, nas posições 2, 11, 13, 25 e 31 (sublinhadas na figura).

   Para ler a seqüência e fazer a codificação dos aminoácidos utilize as funções vistas no EP:

   ```
   int leia_seq_genetica (char dna[MAX_TAMANHO_DNA]);
   char codigo_aminoacido (char codon[3]);
   ```

   Você não precisa escrever estas funções.