

---

## Examen de la práctica de PRO2 - Primavera 2020

X34482\_es

---

El objetivo en este examen de la práctica será modificar dos de las funcionalidades de tu solución de la práctica. Concretamente deberás cambiar:

1. el método utilizado para calcular la distancia entre dos especies
2. el método para calcular distancias entre clústers a lo largo de la ejecución del algoritmo de clusterización que construye un árbol filogenético

IMPORTANTE: Este problema de Jutge es el único canal disponible para realizar la entrega del examen de la práctica. Ten en cuenta que

- Dispondrás de 1h 45 min para la resolución del examen.
- La nota del examen procederá exclusivamente de la corrección automática de tu último envío.
- No superar ningún juego de pruebas conlleva un cero en la nota de este examen.
- Podrás realizar tantas entregas como quieras, pero solo se tendrá en cuenta la más reciente.

Las dos nuevas funcionalidades que has de implementar en este examen están descritas con todo detalle en el documento `enunciado_examen.pdf` que forma parte del archivo `public.tar` que puedes descargar en esta página (icono del gatito).

### Observación

Recomendamos que hagas una copia “limpia” de tu práctica en un subdirectorio aparte y en esa copia llesves a cabo todos los cambios. Verifica que todos los módulos compilan sin errores, que el proceso de montaje da un archivo ejecutable correcto y que el `program.exe` pasa el juego de pruebas público suministrado. Comprueba que el `Makefile` genera el fichero `program.exe` y crea el fichero `.tar` para hacer el envío al Jutge. Asegúrate que entregas el fichero `.tar` con la solución del examen, no la solución original.

El Jutge prueba tus entregas mediante 4 juegos de pruebas que, salvo por el cambio del comando `#ejecuta_paso_wpgma` por el comando `#ejecuta_paso_clust`, son similares a los usados en la práctica—de hecho son casi iguales, solo algo menos “exigentes” respecto a la eficiencia.

- `sample`: el juego de pruebas público
- `privat1`: solo distancias entre especies
- `privat2`: clusters 1
- `privat3`: clusters 2

En un fichero llamado `practica.tar` debes entregar

- Los ficheros `.hh` y `.cc` de las clases y el programa principal. No incluyas ficheros `.o` y similares.

- El fichero `Makefile`, que usaremos para generar y probar el ejecutable

Ten en cuenta las siguientes restricciones:

- El fichero que contiene el programa principal se ha de llamar `program.cc` (recuerda cambiar la opción del `main` que realiza un paso del algoritmo de construcción del árbol filogenético, para que pase a llamarse `ejecuta_paso_clust`)
- El `Makefile` ha de generar un ejecutable llamado `program.exe`
- Es importante que uses las opciones de compilación del Jutge de PRO2 (véase [Documentation](#) → [Compilers](#) → [PRO2](#) en [www.jutge.org](http://www.jutge.org))
- No usar la opción `-D_GLIBCXX_DEBUG` o usarla de forma incorrecta podrá ser penalizado

Produce el fichero `practica.tar` con la instrucción Linux

```
tar -cvf practica.tar fitxer1 fitxer2 fitxer3 ...
```

desde el directorio/carpeta donde tengas los ficheros que vas a entregar. Incluye esta instrucción en tu `Makefile`, de forma que el `.tar` se pueda generar ejecutando `make practica.tar`. Con eso reducirás el riesgo de error en sucesivas entregas. El Jutge no acepta `.tar` donde los ficheros estén dentro de carpetas. Recomendamos usar GNU `tar` para reducir el riesgo de que el fichero `practica.tar` sea incompatible con el Jutge. No es necesario incluir `BinTree.hh` en `practica.tar`.

### Ejemplo de entrada

```
3
lee_cjt_especies
5
d   GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e   TACACCATTAACCGGTGGGG
a   AAAAGATGACCAGCGTAATG
b   GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c   ACGATTTGCGTAAGCTATGT

imprime_cjt_especies
tabla_distancias

imprime_arbol_filogenetico

crea_especie f   GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
crea_especie g   AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

imprime_cjt_especies
tabla_distancias

imprime_arbol_filogenetico

elimina_especie nuevo1
crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG

inicializa_clusters

elimina_especie a
```

```
imprime_cjt_especies
tabla_distancias

ejecuta_paso_clust

imprime_cluster c

ejecuta_paso_clust

imprime_cluster g

imprime_cluster cg

imprime_cluster nuevo1

ejecuta_paso_clust

ejecuta_paso_clust

imprime_cluster cg

crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCCT

ejecuta_paso_clust

ejecuta_paso_clust

imprime_cluster a

inicializa_clusters
```

```

crea_especie nuevo2 AAA
imprime_arbol_filogenetico

lee_cjt_especies

0

imprime_cjt_especies

tabla_distancias

imprime_arbol_filogenetico

ejecuta_paso_clust

crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
imprime_cjt_especies

tabla_distancias

obtener_gen pangolin

imprime_arbol_filogenetico

ejecuta_paso_clust

fin

```

## Ejemplo de salida

```

# lee_cjt_especies

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG

# tabla_distancias
a: b (54.5681) c (64.9385) d (54.3542) e (55.8198)
b: c (56.7613) d (56.1073) e (60.8301)
c: d (58.0845) e (53.2045)
d: e (52.8977)
e:

# imprime_arbol_filogenetico
[(abcde, 29.0676) [(ab, 27.2841) [a][b]][(cde, 27.8223)

# crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# imprime_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# tabla_distancias
a: b (54.5681) c (64.9385) d (54.3542) e (55.8198) f (50)
b: c (56.7613) d (56.1073) e (60.8301) f (50) g (50)
c: d (58.0845) e (53.2045) f (50) g (50)
d: e (52.8977) f (50) g (50)
e: f (50) g (50)
f: g (98.3262)
g:

# imprime_arbol_filogenetico
[(abfdcge, 29.6533) [(abfd, 28.8206) [a]][(bfd, 26.5268)

# elimina_especie nuevo1
ERROR: La especie nuevo1 no existe.

# crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG

# inicializa_clusters
a: b (54.5681) c (64.9385) d (54.3542) e (55.8198) f (50)
b: c (56.7613) d (56.1073) e (60.8301) f (50) g (50) n
c: d (58.0845) e (53.2045) f (50) g (50) nuevo1 (54.76
d: e (52.8977) f (50) g (50) nuevo1 (56.4829)
e: f (50) g (50) nuevo1 (70.7539)
f: g (98.3262) nuevo1 (60.227)
g: nuevo1 (60.2416)
nuevo1:

```

```

# elimina_especie a
# imprime_cjt_especies
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
nuevo1 TTAAACCCGGG

# tabla_distancias
b: c (56.7613) d (56.1073) e (60.8301) f (59.4829) g (50) nuevo1 (59.1277)
c: d (58.0845) e (53.2045) f (50) g (50) nuevo1 (54.7628)
d: e (52.8977) f (50) g (50) nuevo1 (56.4829)
e: f (50) g (50) nuevo1 (70.7539)
f: g (98.3262) nuevo1 (60.227)
g: nuevo1 (60.2416)
nuevo1:

# ejecuta_paso_clust
a: bf (59.2846) c (64.9385) d (54.3542) e (55.8158) g (54.0219) nuevo1 (70.17539) nuevo2 (59.65)
bf: c (53.3806) d (53.0537) e (55.4151) g (54.7628) nuevo1 (60.2416) nuevo2 (50.2343)
c: d (58.0845) e (53.2045) g (50) nuevo1 (54.7628) nuevo2 (50)
d: e (52.8977) g (50) nuevo1 (56.4829)
e: g (50) nuevo1 (70.7539)
g: nuevo1 (60.2416)
nuevo1:

# imprime_cluster c
[c]

# ejecuta_paso_clust
a: bf (59.2846) cg (64.4802) d (54.3542) e (55.8158) nuevo1 (58.6918)
bf: cg (63.7719) d (53.0537) e (55.4151) nuevo1 (59.6774)
cg: d (54.0422) e (51.6023) nuevo1 (57.5022)
d: e (52.8977) nuevo1 (56.4829)
e: nuevo1 (70.7539)
nuevo1:

# imprime_cluster g
ERROR: El cluster g no existe.

# imprime_cluster cg
[(cg, 25) [c][g]]

# imprime_cluster nuevo1
[nuevo1]

# ejecuta_paso_clust
a: bf (59.2846) cge (61.5934) d (54.3542) e (55.8158) nuevo1 (58.6918)
bf: cge (60.9863) d (53.0537) nuevo1 (59.6774)
cge: d (53.6607) nuevo1 (61.9195)
d: nuevo1 (56.4829)
nuevo1:

# ejecuta_paso_clust
a: bfd (57.6411) cge (61.5934) nuevo1 (58.6918)
bfd: cge (58.5444) nuevo1 (58.6125)
cge: nuevo1 (61.9195)
nuevo1:

# imprime_cluster cg
ERROR: El cluster cg no existe.

# crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGC
# ejecuta_paso_clust
abfd: cge (59.3067) nuevo1 (58.6323)
cge: nuevo1 (61.9195)
nuevo1:

# ejecuta_paso_clust
abfdnuevo1: cge (59.8292)
nuevo1: cge (50) nuevo1 (59.1277)
nuevo1 (54.7628)
# imprime_cluster a
ERROR: El cluster a no existe.

# inicializa_clusters
b: c (56.7613) d (56.1073) e (60.8301) f (50) g (50) nuevo1 (54.7628)
c: d (58.0845) e (53.2045) f (50) g (50) nuevo1 (54.7628)
d: e (52.8977) f (50) g (50) nuevo1 (56.4829) nuevo2 (50.2343)
e: g (50) nuevo1 (70.7539) nuevo2 (50.2343)
nuevo1: nuevo2 (57.1064)
nuevo2:

# crea_especie nuevo2 AAA
ERROR: La especie nuevo2 ya existe.

# imprime_arbol_filogenetico
[(bfdcggenuevo2nuevo1, 29.9073) [(bfdcggenuevo2, 28.9536)
# tabla_distancias
# imprime_arbol_filogenetico
ERROR: El conjunto de clusters es vacio.

# ejecuta_paso_clust
ERROR: num_clusters <= 1

# crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# imprime_cjt_especies
pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# tabla_distancias
# imprime_arbol_filogenetico
[huatla (58.6918)
pangolin:
# obtener_gen pangolin
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# imprime_arbol_filogenetico
[huatla (58.6918)
pangolin]
# ejecuta_paso_clust
ERROR: num_clusters <= 1

```

## **Información del problema**

Autor : PRO2

Generación : 2020-05-24 17:25:58

© *Jutge.org*, 2006–2020.

<https://jutge.org>