

Programación—Certamen 1 - Jueves 7 de Abril de 2016

Nombre:

Rol: -

2. [35 %] Un BOEING 747 tiene una capacidad de carga para equipaje de aproximadamente 18.000 Kg.

Confeccione un diagrama de flujo que controle la recepción de equipaje, sabiendo que:

- Se deben rechazar los bultos de más de 500 Kg.
- El valor por Kg del bulto es :
 - de 0 a 25 Kg. \$1000 por Kg.
 - de 26 a 300 Kg. \$1500 por Kg.
 - de 301 a 500 Kg. \$2000 por Kg.

Notar que los pesos siempre estarán en Kg (sin decimales). Considere que el precio por un bulto de 30 Kg es $30 * 1500$ y no $25 * 1000 + 5 * 1500$.

Cuando se intente agregar un nuevo bulto y con éste se sobrepasen los 18,000Kg de carga en el avión, el programa no debe agregar dicho bulto y debe mostrar la siguiente información con respecto al vuelo:

- a) Número total de bultos.
- b) Peso del bulto más pesado.
- c) Peso promedio de los bultos.
- d) Ingreso total por concepto de carga en el avión.

Nota: Asuma que los bultos se ingresan uno por uno. Además habrán suficientes bultos para copar la capacidad del avión.

Programación—Certamen 1 - Jueves 7 de Abril de 2016

Nombre:

Rol: -

3. [40 %] Un grupo de bio-tecnólogos externos a la USM, tienen demasiado trabajo analizando cadenas de ADN. Todo el trabajo lo realizan a mano ya que no tuvieron un buen ramo de programación. Por esto, le piden a los estudiantes de el ramo de Programación IWI-131 que les ayuden. Las cadenas de ADN están compuestas por 4 bases nitrogenadas (A: Adenina, C: Citosina, G: Guanina y T: Timina) agrupadas en bloques de 4. Ahora usted debe ayudar en las siguientes operaciones:

- a) Escriba la función `valida(cadena)` que reciba un string con una cadena de ADN y retorne **True** si la cadena es válida o **False** si no lo es. Una cadena no es válida cuando aparecen bases nitrogenadas distintas a las antes descritas.

```
>>> valida('CTGA CTGA AATT GGGC CTGG CCCC')
True
>>> valida('CTGA XCGA CGAT GGTA ACCC CCPC TTAA')
False
```

- b) Escriba la función `cantidad(cadena, base)` que reciba un string con una cadena de ADN y una base nitrogenada. La función debe retornar la cantidad de apariciones de la base en la cadena.

Nota: no puede utilizar el método `count` de procesamiento de texto.

```
>>> cantidad('CTGA CTGA AATT GGGC CTGG CCCC', 'A')
4
```

- c) Los científicos encontraron un patrón de clasificación, que se deduce de la cantidad mayoritaria de un cierto par de bases. Si la suma de las cantidades de Citosina y Guanina es mayor a la de Adenina y Timina, es una especie vegetal, en caso contrario es una especie animal. Escriba un programa que pregunte la cantidad de cadenas de ADN a evaluar, luego solicite las cadenas y finalmente muestre las cantidades de cada especie y cadenas no válidas.

```
Cantidad de cadenas de ADN: 3
Ingrese cadena 1: CGTA CAGT TTGG GGTA AATG CATG
Ingrese cadena 2: CACC CTGA GGAA ACAA XTFC ATGG
Ingrese cadena 3: TGTG TTGA ATGA CTAT ATTT
Cantidad animales: 2
Cantidad vegetales: 0
Cantidad no validas: 1
```