

---

## Práctica de PRO2 - Primavera 2020 - entrega final definitivaX72416\_es

---

Este problema es el único canal disponible para realizar **la entrega definitiva** de la práctica. Tened en cuenta que

- El plazo de entrega acaba el miércoles 20 de mayo, a las 22h.
- Esta es la entrega que dará lugar a la mayor parte de la nota de la práctica (90%); la nota de la entrega tendrá una parte procedente de corrección automática y otra procedente de corrección manual (consultad el pdf sobre evaluación de la práctica en la web de PRO2)
- No superar ningún juego de pruebas conllevará un cero en la nota de la entrega
- En esta entrega pedimos más cosas, que detallamos a continuación **en negrita**, además del código de la práctica y el Makefile, de las que se pedían en la entrega provisional
- Pueden realizarse tantas entregas como se quiera, pero solo se tendrá en cuenta la más reciente
- El problema de la entrega provisional seguirá disponible hasta el día anterior al fin del plazo de entrega. De hecho, recomendamos usarlo para probar el código mientras no tengáis preparado el material adicional que pedimos

### Observación

El Jutge prueba vuestras entregas mediante 4 juegos de pruebas:

- `sample`: el juego de pruebas público
- `privat1`: combinación de los juegos de pruebas de la entrega intermedia con una situación nueva de eficiencia (gestión de las distancias)
- `privat2`: un poco de todo sobre clusters
- `privat3`: eficiencia de clusters
- `privat4`: eficiencia de kmeros

En un fichero llamado `practica.tar` tenéis que entregar

- Los ficheros `.hh` y `.cc` de las clases y el programa principal **con los comentarios Doxygen correspondientes**. No incluyáis ficheros `.o` y similares.
- El fichero Makefile, que usaremos para generar y probar el ejecutable
- **Un fichero `html.zip`, obtenido comprimiendo la carpeta `html` del Doxygen generado a partir de los `.hh` y `.cc` anteriores. Dicha documentación no solo ha de incluir la parte pública de las clases (como en la entrega de la especificación) sino también la parte privada (atributos y métodos privados) y la implementación de todas las operaciones**

Tened en cuenta las siguientes restricciones:

- El fichero que contiene el programa principal se ha de llamar `program.cc`
- El Makefile ha de generar un ejecutable llamado `program.exe`
- Es importante que uséis las opciones de compilación del Judge de PRO2 (ved Documentation → Compilers → PRO2 a [www.jutge.org](http://www.jutge.org))
- No usar la opción `-D_GLIBCXX_DEBUG` o usarla de forma incorrecta podrá ser penalizado
- **Si no se entrega la documentación generada por el Doxygen, o ésta es incompleta (por ejemplo, si no se pueden ver los elementos privados o la implementación de todas las operaciones), la nota de la corrección manual será cero. Comprobad que vuestra documentación es correcta antes de la entrega. Es necesario usar un Doxyfile basado en el de la sesión 10 de laboratorio para generar correctamente la documentación**

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

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

desde el directorio/carpeta donde tengáis los ficheros que vais a entregar. Incluid esta instrucción en vuestro Makefile, de forma que el `.tar` se pueda generar ejecutando `make practica.tar`. Con eso reduciréis el riesgo de error en sucesivas entregas. El Judge 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 Judge. No es necesario incluir `BinTree.hh` en `practica.tar`.

### Ejemplo de entrada

3	elimina_especie a
lee_cjt_especies	imprime_cjt_especies
5	tabla_distancias
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG	ejecuta_paso_wpgma
e TACACCATTAACCGGTGGGG	imprime_cluster c
a AAAAGATGACCAGCGTAATG	ejecuta_paso_wpgma
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT	imprime_cluster ac
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT	imprime_cluster eg
imprime_cjt_especies	imprime_cluster nuevo1
tabla_distancias	ejecuta_paso_wpgma
imprime_arbol_filogenetico	ejecuta_paso_wpgma
crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	imprime_cluster ac
crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGCCT
imprime_cjt_especies	ejecuta_paso_wpgma
tabla_distancias	
imprime_arbol_filogenetico	
elimina_especie nuevo1	
crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG	
inicializa_clusters	

```

ejecuta_paso_wpgma
imprime_cluster ac
inicializa_clusters
crea_especie nuevo2 AAA
imprime_arbol_filogenetico

lee_cjt_especies
0
imprime_cjt_especies

tabla_distancias
imprime_arbol_filogenetico
ejecuta_paso_wpgma
crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
imprime_cjt_especies
tabla_distancias
obtener_gen pangolin
imprime_arbol_filogenetico
ejecuta_paso_wpgma
fin

```

## Ejemplo de salida

```

# lee_cjt_especies

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

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871)
c: d (83.871) e (94.1176)
d: e (97.1429)
e:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [(ac, 35.7143) [a][c]]]]

# crea_especie f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
# crea_especie g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# lee_cjt_especies
a AAAAGATGACCAGCGTAATG
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTGCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGGTGGGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# tabla_distancias
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100)
e: f (100) g (100)
f: g (9.52381)
g:

# imprime_arbol_filogenetico
[(acdbefg, 49.6528) [(acdbe, 45.7951) [(acd, 43.695) [a][c]]]]

# elimina_especie nuevo1
ERROR: La especie nuevo1 no existe.

# crea_especie nuevo1 TTAAACCCGGG

# inicializa_clusters
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) f (100) g (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

```

```

# elimina_especie a

# imprime_cjt_especies
b GCAACCTTTGTGGGCGCAGT
c ACGATTTCGTAAGCTATGT
d GCTCCTGTCCGTTTCAGCCG
e TACACCATTAACCGTG GGG
f GAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
g AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
nuevo1 TTAAACCCGGG

# tabla_distancias
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
e: f (100) g (100) nuevo1 (66.6667)
f: g (9.52381) nuevo1 (96.5517)
g: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) e (90.9091) fg (100)
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) fg (100)
c: d (83.871) e (94.1176) fg (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) fg (100) nuevo1 (92.3077)
e: fg (100) nuevo1 (66.6667)
fg: nuevo1 (96.5517)
nuevo1:

# imprime_cluster c
[c]

# ejecuta_paso_wpgma
a: b (90.9091) c (71.4286) d (90.9091) enuevo1 (89.4444) fg (100)
b: c (87.5) d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
c: d (83.871) enuevo1 (93.2127) fg (100)
d: enuevo1 (94.7253) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg:

# imprime_cluster ac
ERROR: El cluster ac no existe.

# imprime_cluster eg
ERROR: El cluster eg no existe.

# imprime_cluster enuevo1
[(enuevo1, 33.3333) [e][nuevo1]]

# ejecuta_paso_wpgma
ac: b (89.2045) d (87.39) enuevo1 (91.3333) fg (100)
b: d (87.5) enuevo1 (83.6022) fg (100)
d: enuevo1 (94.7253) fg (100)
enuevo1: fg (98.2759)
fg:

# ejecuta_paso_wpgma
ac: benuevo1 (90.2691) d (87.39) fg (97.2222)
benuevo1: d (91.1126) fg (99.1379)
d: fg (100)
fg:

# imprime_cluster ac
[(ac, 35.7143) [a][c]]

# crea_especie nuevo2 AATCTGGCTCTGAATAAGACCCAGTATCAAGC

# ejecuta_paso_wpgma
acd: benuevo1 (90.6909) fg (98.6111)
benuevo1: fg (99.1379)
fg:

# ejecuta_paso_wpgma
acdbenuevo1: fg (98.8745)
fg (100) nuevo1 (83.3333)
nuevo1 (92.3077)

# imprime_cluster ac
ERROR: El cluster ac no existe.

# inicializa_clusters
b: c (87.5) d (87.5) e (83.871) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
c: d (83.871) e (94.1176) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077)
d: e (97.1429) f (100) g (100) nuevo1 (92.3077) nuevo2 (85.4167)
e: fg (100) fg (100) nuevo1 (96.5517) nuevo2 (98.2143)
fg (92.3077) (96.5517) nuevo2 (100)
nuevo1: nuevo2 (90.6977)
nuevo2:

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

# imprime_arbol_filogenetico
[(bnuevo2enuevo1cdfg, 49.7287) [(bnuevo2enuevo1cd, 45.1111)
bnuevo1 (89.4444) fg (94.4444) fg (100)]

# imprime_cjt_especies

# tabla_distancias

# imprime_arbol_filogenetico
ERROR: El conjunto de clusters es vacio.

# ejecuta_paso_wpgma
ERROR: num_clusters <= 1

# crea_especie pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# imprime_cjt_especies
pangolin AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# tabla_distancias
pangolin:

# obtener_gen pangolin
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

# imprime_arbol_filogenetico
[pangolin]

# ejecuta_paso_wpgma
ERROR: num_clusters <= 1

```

## **Información del problema**

Autor : PRO2

Generación : 2020-05-29 13:24:21

© *Jutge.org*, 2006–2020.

<https://jutge.org>