



IFBA – Instituto Federal da Bahia - Campus Salvador
Licenciatura em Matemática
INF027 – Introdução a Lógica de Programação
Avaliação I

Semestre 2012.2

Prof. Frederico Barboza

Noturno

Aluno:

Data: 22/07/2014

Escreva código Java para as classes do modelo de um sistema computacional que represente o sistema imunológico dos vertebrados, conforme descrição a seguir:

Um receptor das moléculas de um sistema imunológico é formado por uma proteína representada através de um número do conjunto dos reais. Deste modo, forneça a representação estática da classe receptor e forneça os seguintes membros de classe: (0.5)

- A. Um construtor que inicialize o valor da proteína do receptor, através de um valor informado; (0,5)
- B. Um construtor que inicialize o valor da proteína com zero; (0,5)
- C. Métodos de acesso ao valor da proteína; (*getter* e *setter*) (0.5)
- D. Um método que calcule a afinidade do receptor para um outro receptor informado. A afinidade é representada pelo módulo da distância (diferença) entre os valores de suas proteínas; (1.0)
- E. Um método que gere uma representação *string* do receptor, segundo o modelo a seguir: [valor_proteina](1.0)
Exemplo:[4.50] – considerando que o valor da proteína do receptor é 4,5.

Uma molécula é formada por uma sequência de receptores e um limiar de afinidade (*threshold*), que indica uma distância no espaço de formas (domínio de todos os valores possíveis de moléculas), dentro do qual uma molécula potencialmente adere a outra. (1.0)

- A. Um construtor que receba um tamanho de molécula e crie uma molécula com todos os receptores com valor de proteína em 0; (0.5)
- B. Métodos de acesso para cada um dos receptores da molécula (*getter* e *setter*); (0.5)
- C. Um método que gere a representação *string* da molécula com o seguinte formato: (0.5)
0[5.60] – 1[4.50] – 2 [3.78]; onde o primeiro número da sub-cadeia NUM[NUM] é a posição do receptor na molécula e o segundo é o seu valor;
- D. Um método que calcule a afinidade entre duas moléculas. A afinidade é dada pela raiz da soma dos quadrados das distâncias entre os receptores posicionalmente equivalentes das duas moléculas. As moléculas podem ter tamanhos diferentes, e, neste caso, os trechos sem correspondência são ignorados; (1.0)
- E. Um método que indique se a molécula adere a outra. Uma molécula adere a outra se a sua distância da outra molécula é menor que o limiar de afinidade; (1.0)
- F. Um método que indique se uma molécula detecta a outra. Uma molécula detecta a outra se as duas aderem-se. (1.5)