

NuMHC - Simulação do MHC

Parte Subjetiva

Helio Tsutomu Matayoshi NUSP: 5382308

Orientador: Prof. Marcelo Finger

Colaborador: Prof. Eduardo Finger

26 de dezembro de 2008

1 Desafios e Frustrações Encontrados

Neste projeto, inúmeros foram os desafios deparados durante toda a sua execução. Inicialmente, foi preciso entender a sintaxe do NuSMV, pois apesar de sua linguagem se basear em módulos, que possuem grande semelhança com as classes em Java, a codificação em si se diferencia muito. A principal diferença é que o código não é executado linearmente, ele é, em sua grande maioria, executado em paralelo. Tanto os módulos como suas variáveis são tratadas em paralelo, logo, há a necessidade de se implementar algum sistema de controle, como por exemplo os semáforos.

Após entender exatamente as funcionalidades do NuSMV, foi preciso entender como as cadeias de aminoácidos se interagiam entre si para que fosse possível a criação de um modelo capaz de simulá-las veementemente.

No entanto, mesmo com o modelo já criado algumas deficiências no NuSMV atrapalharam o seu desenvolvimento. No NuSMV, os módulos podem ser declarados como variáveis no entanto não é possível fazer com que variáveis representem uma lista de módulos, ou seja, uma enumeração de módulos. Por isso, não é possível representar as cadeias como um vetor, se cada aminoácido for representado como um módulo diferente. Para resolver este problema, foi necessário criar um módulo capaz de representar todos os aminoácidos, o que deixou um módulo extremamente grande e de difícil entendimento.

2 Disciplinas Relevantes ao Projeto

- MAC0110 Introdução à Computação
- MAC0122 Princípios de Desenvolvimento de Algoritmos
- MAC0323 Estruturas de Dados
- MAC0239 Métodos Formais em Programação
- MAC0332 Engenharia de Software
- MAC0438 Programação Concorrente

3 Futuro

Este projeto possui inúmeras melhorias que podem ser feitas. A principal delas é a criação de um modelamento mais eficiente de cadeias de aminoácidos, pois a atual ainda sofre bastante com relação a tempo, demorando bastante quando executada para cadeias de dimensão grande (cadeias com tamanho maior do que 15 aminoácidos).

Uma outra melhoria que poderia ser feita é a disposição das cadeias dependendo dos aminoácidos que ela possui, pois atualmente ela ainda é determinada manualmente, o que impede do projeto ser usado em simulações reais.

Por enquanto, o programa é escrito de forma bem manual, ou seja, para cada aminoácido inserido na cadeia, é preciso adicionar todos os parâmetros dele, escrevendo linha por linha. Para torná-lo mais didático, seria aconselhável criar um interpretador que recebendo apenas os aminoácidos presentes na cadeia criasse um código em NuSMV automaticamente, assim além de facilitar o seu uso, também facilitaria a execução de testes.