

Parcial 1 – Programación III

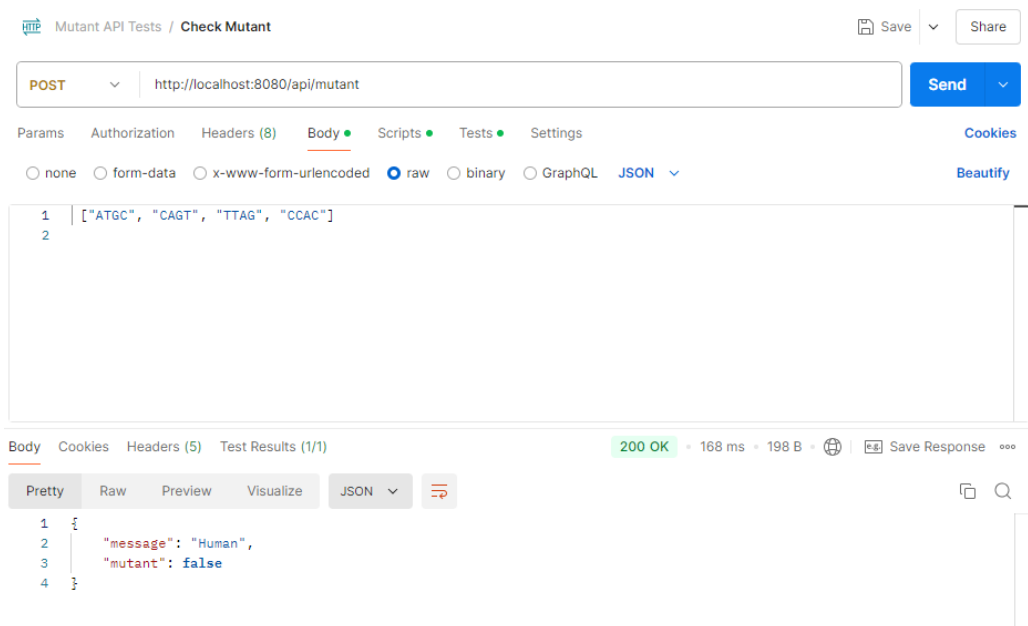
Jennifer Contreras – 14/10/2024

Documentación Nivel 3

Flujo general del sistema:

1. Solicitud HTTP:

- Se realiza una solicitud HTTP POST a la ruta /api/mutant, con un cuerpo que contiene una matriz de cadenas que representan una secuencia de ADN (por ejemplo, ["ATGC", "CAGT", "TTAG", "CCAC"]).
- La solicitud es enviada por un cliente



2. Controlador:

- El controlador MutantController recibe la solicitud en el método isMutant().
- Se verifica si la secuencia de ADN ya existe en la base de datos usando el repositorio DnaSequenceRepository.
- Si ya existe, se obtiene la información existente y se retorna una respuesta con un mensaje (ya sea "Mutant" o "Human") junto con el valor booleano de isMutant.

- Si no existe, el controlador llama al servicio para determinar si la secuencia es mutante.

3. Servicio

- El método `isMutant()` del servicio `MutantService` recibe la secuencia de ADN.
- Se realizan varias validaciones para asegurar que la entrada sea correcta.
- Se cuenta cuántas secuencias mutantes hay al verificar filas, columnas y diagonales de la matriz de ADN.
- La lógica de negocio se basa en buscar secuencias mutantes definidas por la presencia de cuatro letras iguales consecutivas (AAAA, TTTT, CCCC, GGGG).

4. Repositorio

- Después de determinar si la secuencia es mutante, se crea un nuevo objeto `DnaSequence` con la información correspondiente.
- Este objeto se guarda en la base de datos a través del repositorio `DnaSequenceRepository`.
- Si la secuencia ya existía, se retorna el objeto encontrado de la base de datos sin necesidad de guardarlo de nuevo.

5. Respuesta HTTP:

- Si el ADN es mutante, se retorna una respuesta con el estado HTTP 200 y el DTO `ResponseDto` con el mensaje "Mutant" y `isMutant` como true.
- Si el ADN no es mutante, se retorna una respuesta con el estado HTTP 403 y el DTO `ResponseDto` con el mensaje "Human" y `isMutant` como false.
- Si ocurre una excepción, como una secuencia de ADN vacía o inválida, se lanza una excepción `IllegalArgumentException`, y se devuelve una respuesta con el estado HTTP 400 y un mensaje de error detallado en el cuerpo de la respuesta. En este caso, se utiliza `ResponseEntity.badRequest()` para retornar un código de estado 400.

POST http://localhost:8080/api/mutant

Params Authorization Headers (8) Body Scripts Tests Settings

☐ none ☐ form-data ☐ x-www-form-urlencoded ☒ raw ☐ binary ☐ GraphQL JSON

```
1 ["ATGCGA", "CAGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"]
2
```

Body Cookies Headers (5) Test Results (1/1)

200 OK • 13 ms • 198 B

Pretty Raw Preview Visualize JSON

```
1 {
2   "message": "Mutant",
3   "mutant": true
4 }
```

POST http://localhost:8080/api/mutant

Params Authorization Headers (8) Body Scripts Tests Settings

☐ none ☐ form-data ☐ x-www-form-urlencoded ☒ raw ☐ binary ☐ GraphQL JSON

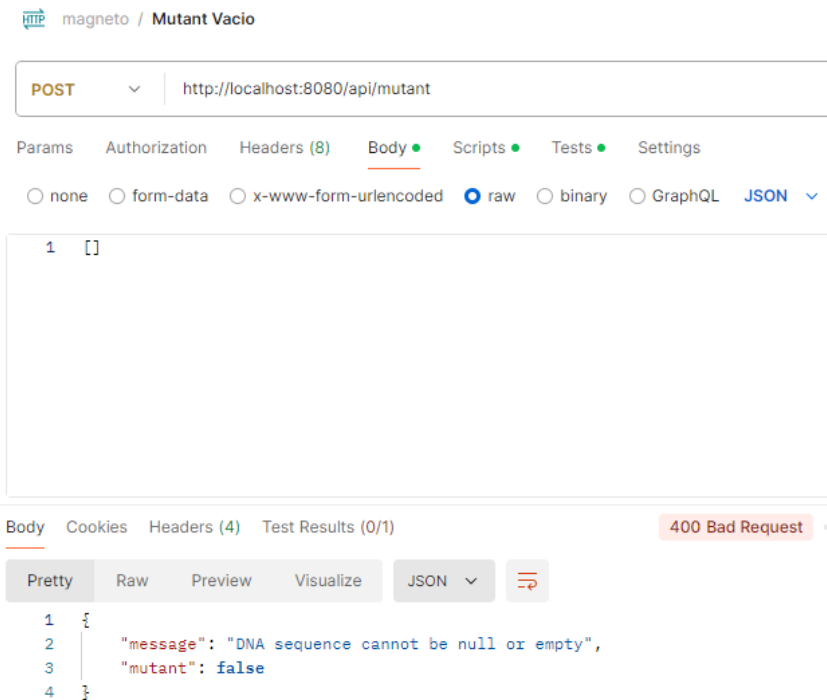
```
1 [ "CAGTGC", "TTATGT", "ATGCGA", "AGAAGG", "TCCCTA", "TCACGT" ]
2
```

Body Cookies Headers (5) Test Results (0/1)

403 Forbidden

Pretty Raw Preview Visualize JSON

```
1 {
2   "message": "Human",
3   "mutant": false
4 }
```



Estadísticas en el sistema

1. Recolección de estadísticas:

- Se realiza una solicitud HTTP GET a la ruta `/api/stats`.
- El controlador `StatsController` maneja esta solicitud y utiliza el repositorio para obtener la cantidad de secuencias de ADN mutantes y humanas.

2. Interacción del `DnaSequenceRepository`:

- Los datos que se recopilan de las secuencias mutantes y humanas se almacenan en la base de datos a través del `DnaSequenceRepository` cuando se procesan las solicitudes de ADN.

3. Cálculo de estadísticas:

- En el método `getStats()`, se cuentan las secuencias de ADN mutantes y humanas usando el repositorio.
- Se calcula la razón entre el número de secuencias mutantes y humanas.
- Se devuelve un objeto `Map<String, Object>` con los conteos y la razón, junto con una respuesta HTTP 200 OK.

HTTP Mutant API Tests / **Get Stats**

GET http://localhost:8080/api/stats

Params Authorization Headers (6) **Body** Scripts Tests Settings

☐ none ☐ form-data ☐ x-www-form-urlencoded ☒ raw ☐ binary ☐ GraphQL **JSON**

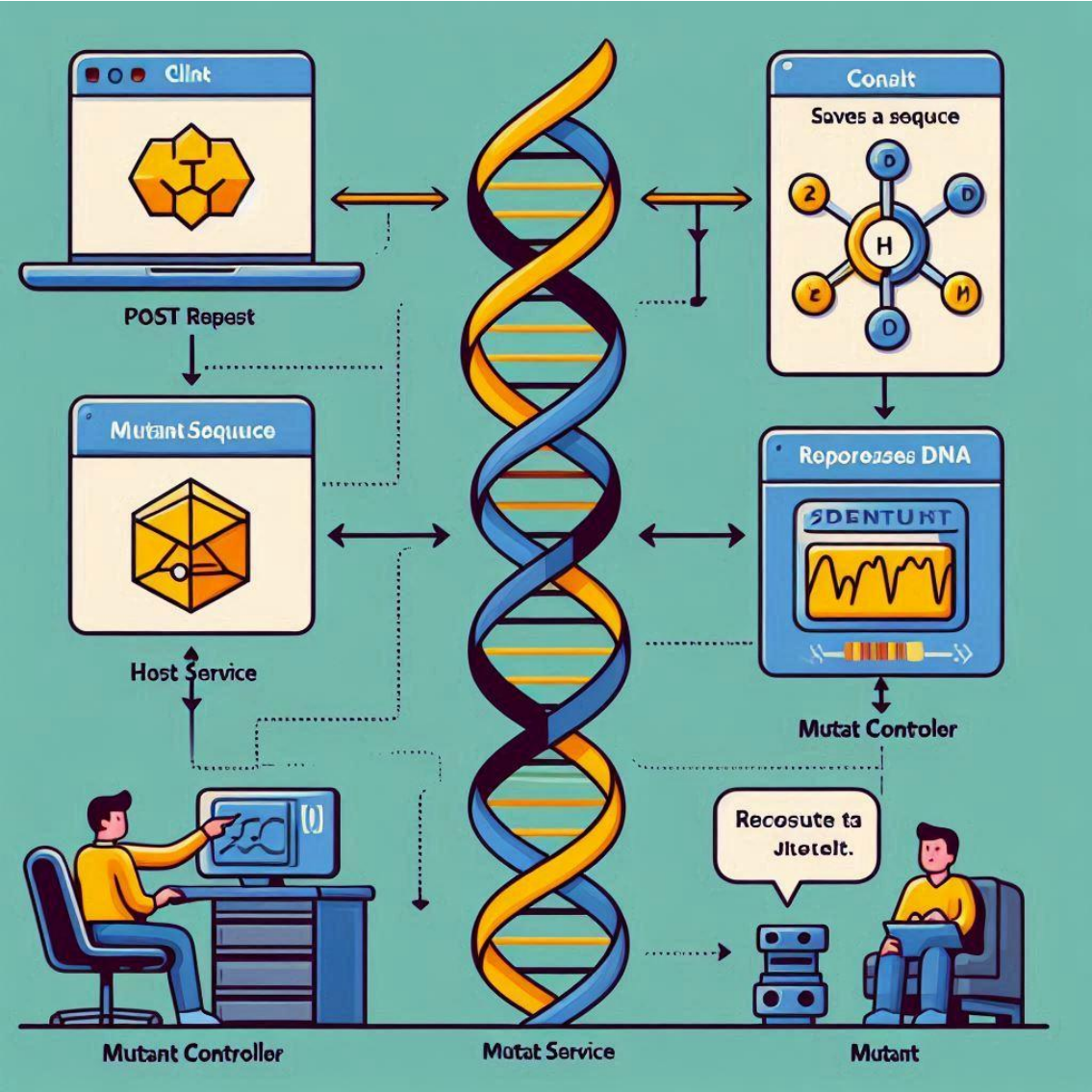
1

Body Cookies Headers (5) Test Results (1/1) 200 OK

Pretty Raw Preview Visualize JSON

```
1 {
2   "count_human_dna": 5,
3   "count_mutant_dna": 2,
4   "ratio": 0.4
5 }
```

Diagrama de secuencia



Resultados de los Test

MagnetodnaApplicationTests			
todos los > com.example.magnetodna > MagnetodnaApplicationTests			
5	0	0	2.032s
Pruebas	Fallas	Ignorado	duración
100% Exitoso			
Pruebas Salida estándar			
Prueba	Nombre del método	Duración	Resultado
testIsMutant()	testIsMutant()	1.997s	Pasado
[1] dnaString=ATGCGA,CAGTGC,TTATGT,AGAAGG,CCCCTA,TCACTG, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[1]	0.020s	Pasado
[2] dnaString=ATGCGA,CAGTGC,TTATTT,AGACGG,GCGTCA,TCACTG, esperado=falso	testIsMutant(Cadena, booleano)[2]	0.004s	Pasado
[3] dnaString=AAAA,AAAA,AAAA,AAAA, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[3]	0.006s	Pasado
[4] dnaString=AAAA, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[4]	0.005s	Pasado

Líneas ☐ de ajuste
Generado por [Gradle 8.9-rc-2](#) el 14 oct. 2024 00:08:13

MagnetodnaApplicationTests

todos.ios > com.example.magnetodna > MagnetodnaApplicationTests

8

0

0

1.249s

Pruebas

Fallas

Ignorado

duración

100%
Exitoso

Pruebas Salida estándar

Prueba	Nombre del método	Duración	Resultado
testEmptyDna()	testEmptyDna()	0.005s	Pasado
testInvalidDnaCharacters()	testInvalidDnaCharacters()	0.005s	Pasado
testIrregularDnaMatrix()	testIrregularDnaMatrix()	0.860s	Pasado
[1] dnaString=ATGCGA,CAGTGC,TTATGT,AGAAGG,CCCCTA,TCACTG, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[1]	0.059s	Pasado
[2] dnaString=ATGCGA,CAGTGC,TTATTT,AGACGG,CGGTCA,TCACTG, esperado=falso	testIsMutant(Cadena, booleano)[2]	0.015s	Pasado
[3] dnaString=AAAA,AAAA,AAAA,AAAA, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[3]	0.007s	Pasado
[4] dnaString=AAAA, esperado=verdadero	testIsMutant(Cadena, booleano)[4]	0.006s	Pasado
testStatsCalculation()	testStatsCalculation()	0.292s	Pasado

DataBase en H2

jdbc:h2:~/test

+

DNA_RECORD

+

DNA_SEQUENCES

+

DNA_SEQUENCES_AUD

+

REVINFO

+

STATS

+

INFORMATION_SCHEMA

+

Usuarios

i

H2 2.2.224 (2023-09-17)

EjecutarRun SelectedAuto completadoEliminarInstrucción SQL:

SELECT * FROM DNA_SEQUENCES

SELECT * FROM DNA_SEQUENCES;

ID	DNA	IS_MUTANT
1	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCCCTA, TCACTG]	TRUE
2	[AAATGC, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCCCTA, TCACTG]	TRUE
3	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCGGTA, TCACTG]	TRUE
4	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAAG, CCGCTA, TCACTG]	FALSE
5	[AGTCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAGAA, CCTGTA, TCACTG]	FALSE
6	[ATGCGT, CAGTAC, TTGTTG, AGACCC, CCGCTA, TCACTG]	FALSE

(6 filas, 3 ms)

Editar

jdbc:h2:~/test

DNA_RECORD

DNA_SEQUENCES

DNA_SEQUENCES_AUD

REVINFO

STATS

INFORMATION_SCHEMA

Usuarios

H2 2.2.224 (2023-09-17)

EjecutarRun SelectedAuto completadoEliminarInstrucción SQL:

SELECT * FROM DNA_SEQUENCES_AUD|

SELECT * FROM DNA_SEQUENCES_AUD;

ID	REV	REVTYPE	DNA	IS_MUTANT
1	3	0	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCCCTA, TCACTG]	TRUE
2	4	0	[AAATGC, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCCCTA, TCACTG]	TRUE
3	5	0	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAGG, CCGGTA, TCACTG]	TRUE
4	6	0	[ATGCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAAAG, CCGCTA, TCACTG]	FALSE
5	7	0	[AGTCGA, CAGTGC, TTATGT, AGAGAA, CCTGTA, TCACTG]	FALSE
6	8	0	[ATGCGT, CAGTAC, TTGTTG, AGACCC, CCGCTA, TCACTG]	FALSE

(6 filas, 0 ms)

Editar

EjecutarRun SelectedAuto compl

SELECT * FROM REVINFO|

SELECT * FROM REVINFO;

REV	REVTSTMP
1	1728777981355
2	1728780000423
3	1728780620660
4	1728780659638
5	1728780684488
6	1728780707978
7	1728780728533
8	1728780751159

(8 filas, 0 ms)