

TAD Cadena

Conjunto mínimo de datos

- tipo, cadena, identifica el tipo de cadena que es.
- cadena, cadena, es lo que contiene la cadena.
- tam , entero, es el tamaño de la cadena
- ident, entero, es el tamaño de indentación.
- complete, booleano, dice si esta completa o no la cadena
- bases, mapa , tiene las bases con su frecuencia en la cadena

Operaciones del objeto

- Cadena (tipo1,cadena1), Constructor de Cadena, le asigna el tipo y una cadena dada.
- getTipo(), Retorna el tipo de la cadena.
- getCadena(), Retorna la cadena.
- setTipo(tipo), Recibe un tipo por parámetro y cambia el que estaba antes.
- setCadena(cadena), Recibe una cadena por parámetro y cambia el que estaba antes.
- contarBases(), Cuenta las bases que tiene la cadena y retorna la cantidad.
- subCadenas(subCadena,bandera1), Encuentra una subCadena, si bandera1 es verdadero me cuenta las subCadenas que hay, si bandera1 es falso me enmascara esas subcadenas.

TAD CódigoGenetico

Conjunto mínimo de datos

- listaCadenas, vector de tipo cadena, contiene un conjunto de cadenas.
- basesTotales, mapa, contiene las bases de todas las secuencias con su correspondiente frecuencia.
- tree, ArbolHuffman, el arbol asociado a ese código genetico.

Operaciones del objeto

- CodigoGenetico(), Constructor de CodigoGenetico.

- getListasCadenas(), Retorna la lista de cadenas.
- contarSecuencias(), Retorna la cantidad de secuencias que tiene almacenadas.
- cargarDatos(nombreArchivo), Carga las cadenas desde un archivo y las almacena.
- listaSecuencias(), Muestra el tipo de las cadenas y además cuantas bases tiene.
- buscarCadena(descripción), Busca una cadena con su descripción y la retorna.
- mostrarHistograma(descripción), Muestra el histograma de una cadena dada su descripción.
- guardarDatos(nombreArchivo), Guarda los datos que tiene almacenados.
- subCadenas(subCadena,bandera), Retorna la cantidad de subCadenas que se tiene.
- generarArbol(), Genera el correspondiente árbol de HuffMan de las secuencias.
- encode(), Se encarga de codificar (siguiendo el formato) los datos que se almacenan en código genético y posteriormente los guarda en un archivo binario.
- decode(), Se encarga de decodificar los datos que se almacenan en un archivo binario, con un formato establecido.

Operaciones Adicionales

ingresarBases(), Retorna un vector con las bases ingresadas.

buscarBasePos(letra), Dada una letra busca en el vector la base . Si la encuentra retorna la posición, si no retorna -1.

load(), Imprime en pantalla la ayuda del comando load.

countM(), Imprime en pantalla la ayuda del comando count.

list_sequences(), Imprime en pantalla la ayuda del comando list_sequences

histogram(), Imprime en pantalla la ayuda del comando histogram.

is_subsequence(), Imprime en pantalla la ayuda del comando is_subsequence().

mask(), Imprime en pantalla la ayuda del comando mask.

save(), Imprime en pantalla la ayuda del comando save.

encode(), Imprime en pantalla la ayuda del comando encode.

decode(), Imprime en pantalla la ayuda del comando decode.

cargar(código,nombreArchivo), Es la función que se llama cuando se recibe el comando load, recibe CódigoGenetico y el nombre del archivo para cargarlo.

contar(código), Es la función que se llama cuando se recibe el comando count, recibe CódigoGenetico para saber de cual código genético debe saber la longitud de sus cadenas.

listaSecuencias(código), Es la función que se llama cuando se recibe el comando list_sequences, recibe CódigoGenetico para mostrar las secuencias que pertenecen a ese CódigoGenetico.

subSecuencia(código,secuencia), Es la función que se llama cuando se recibe el comando is_subsequence, recibe CódigoGenetico y el nombre del tipo de la secuencia. Me muestra en pantalla si esa sub secuencia existe en una secuencia cargada.

mask(código,secuencia), Es la función que se llama cuando se recibe el comando mask, recibe CódigoGenetico y el nombre del tipo de la secuencia. Muestra en pantalla la cantidad de cadenas que fueron enmascaradas.

guardar(código,nombreArchivo), Es la función que se llama cuando se recibe el comando save, recibe CódigoGenetico y el nombre del archivo al cual se va a mandar los datos y posteriormente guardarlos.

encode(), Es la función que se llama cuando se recibe el comando encode, recibe CódigoGenetico y el nombre del archivo al cual se va a guardar la codificación.

decode(), Es la función que se llama cuando se recibe el comando decode, recibe CódigoGenetico y el nombre del archivo al cual se va a cargar la codificación.