

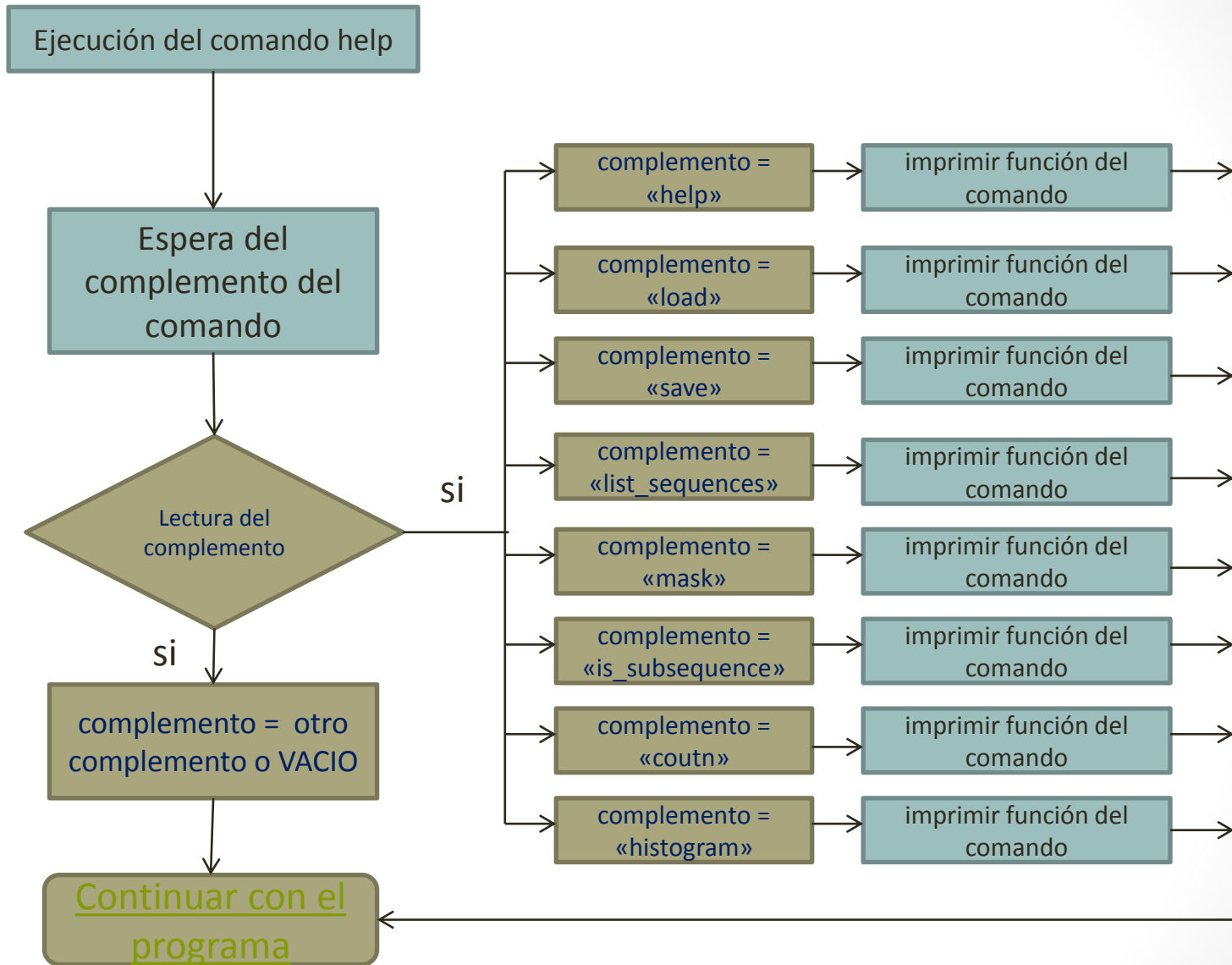
Esquemático del funcionamiento del proyecto (entrega1)

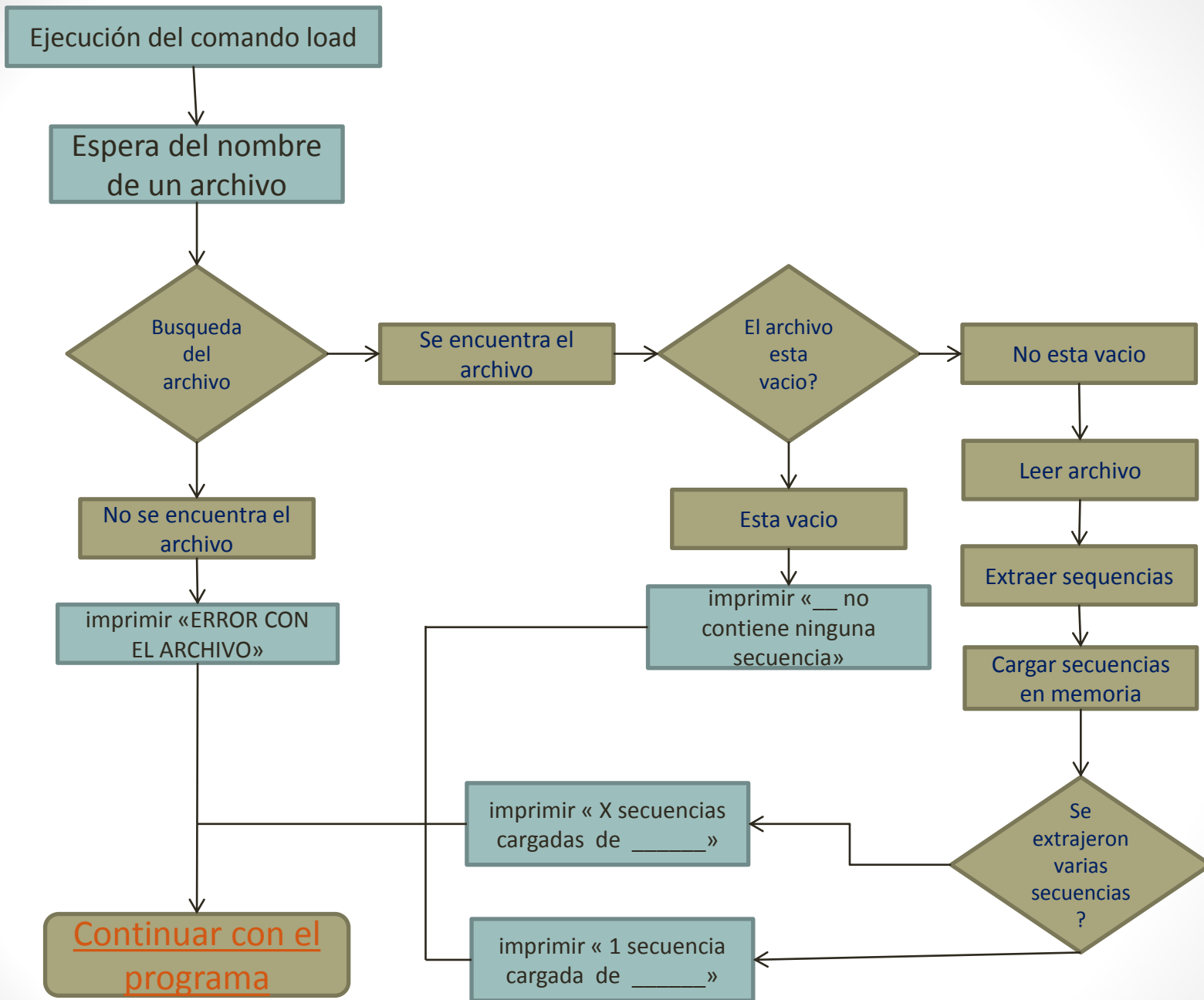
Juan Pablo Rodríguez

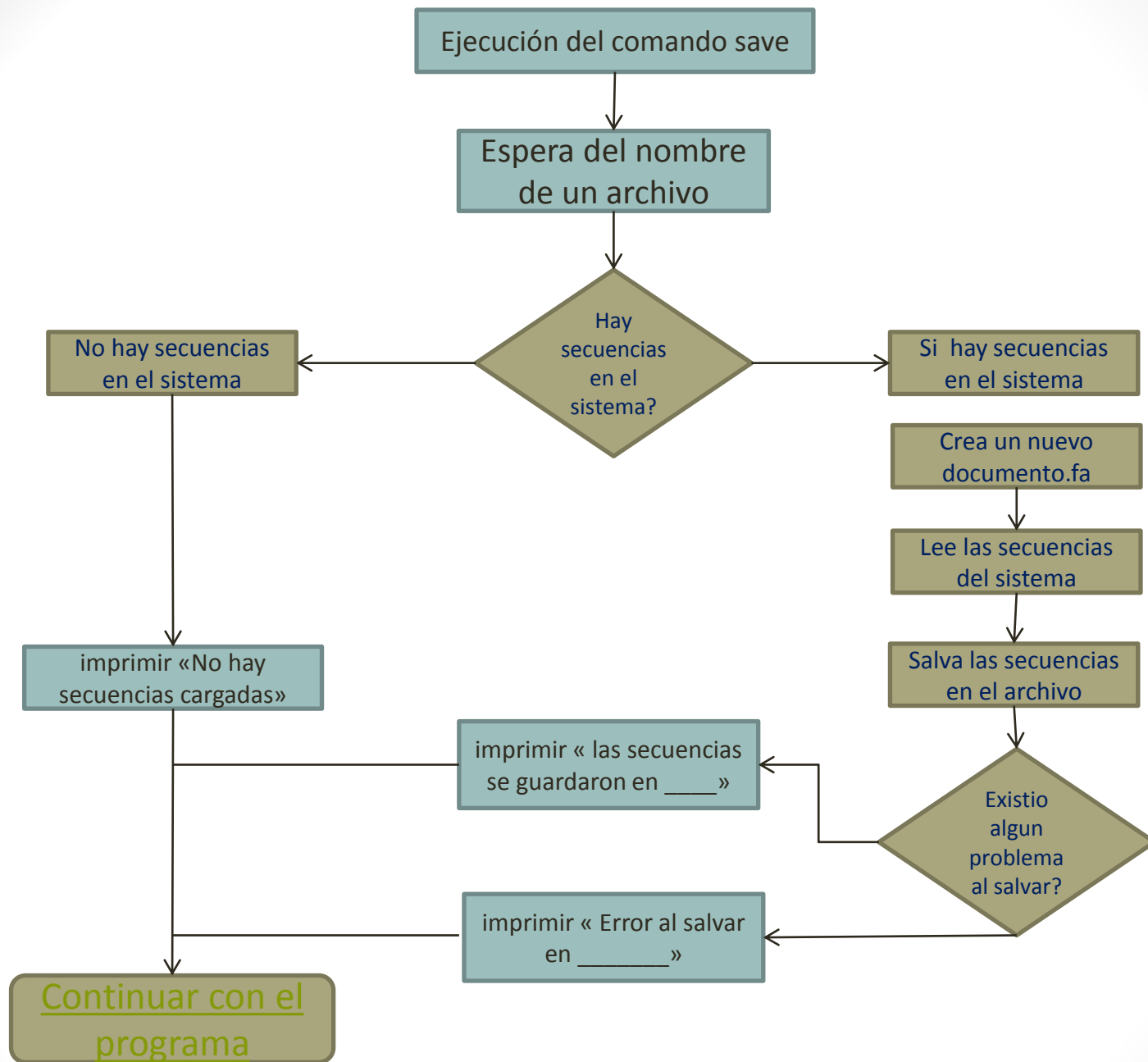
Luis Felipe Urdaneta

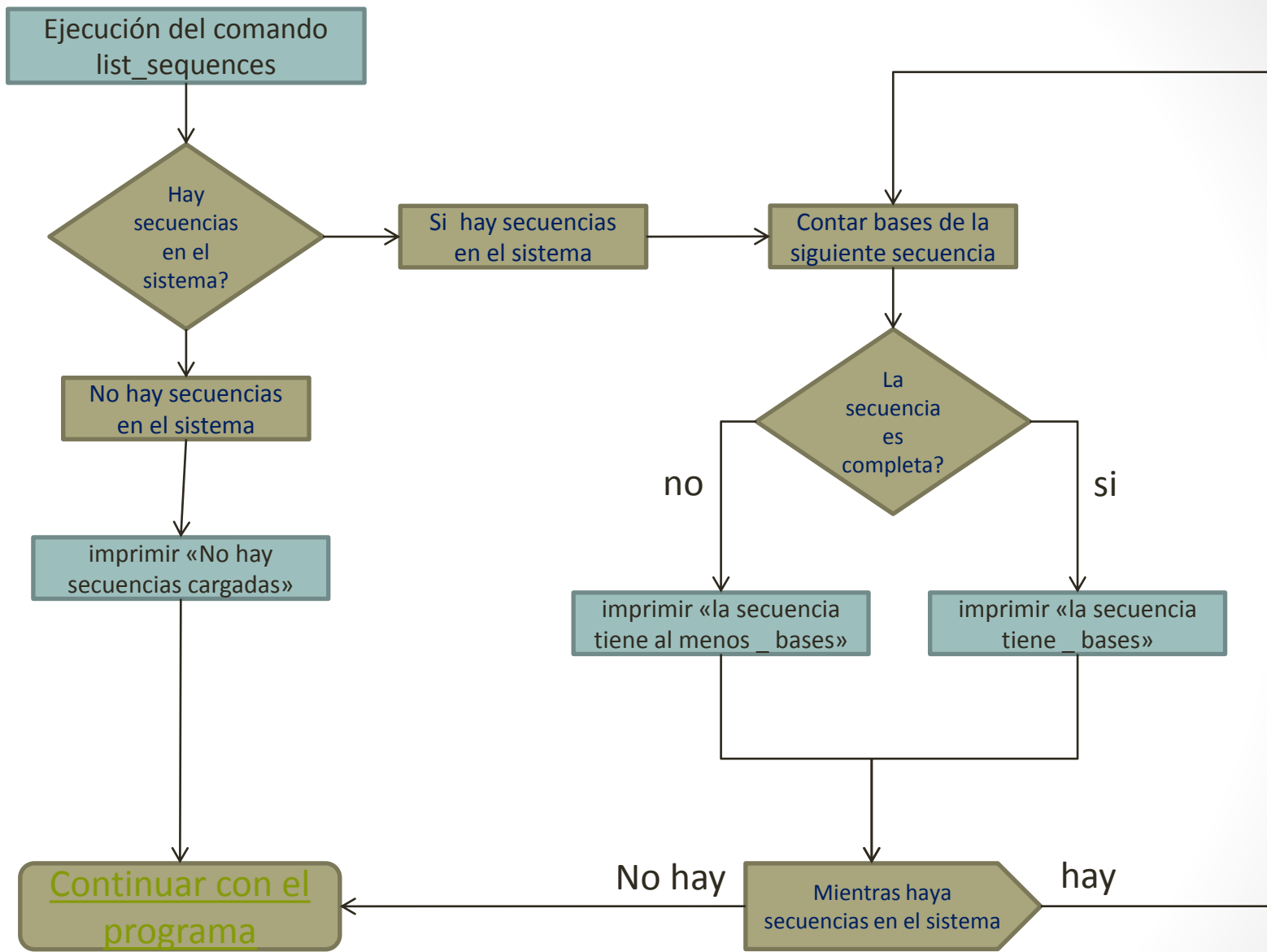
2015

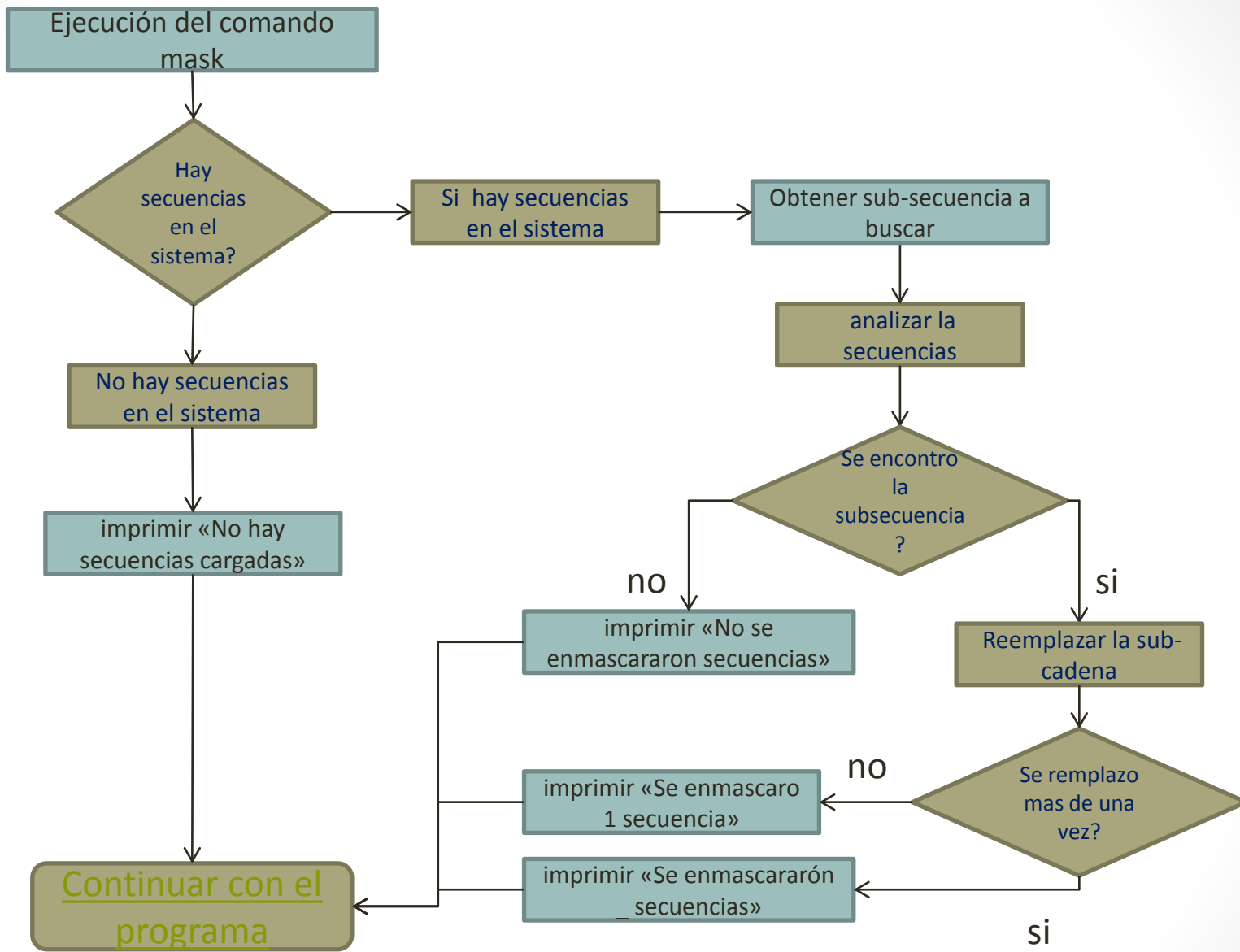
Nota: para navegar utilice los hipervinculos dentro de cada segmento

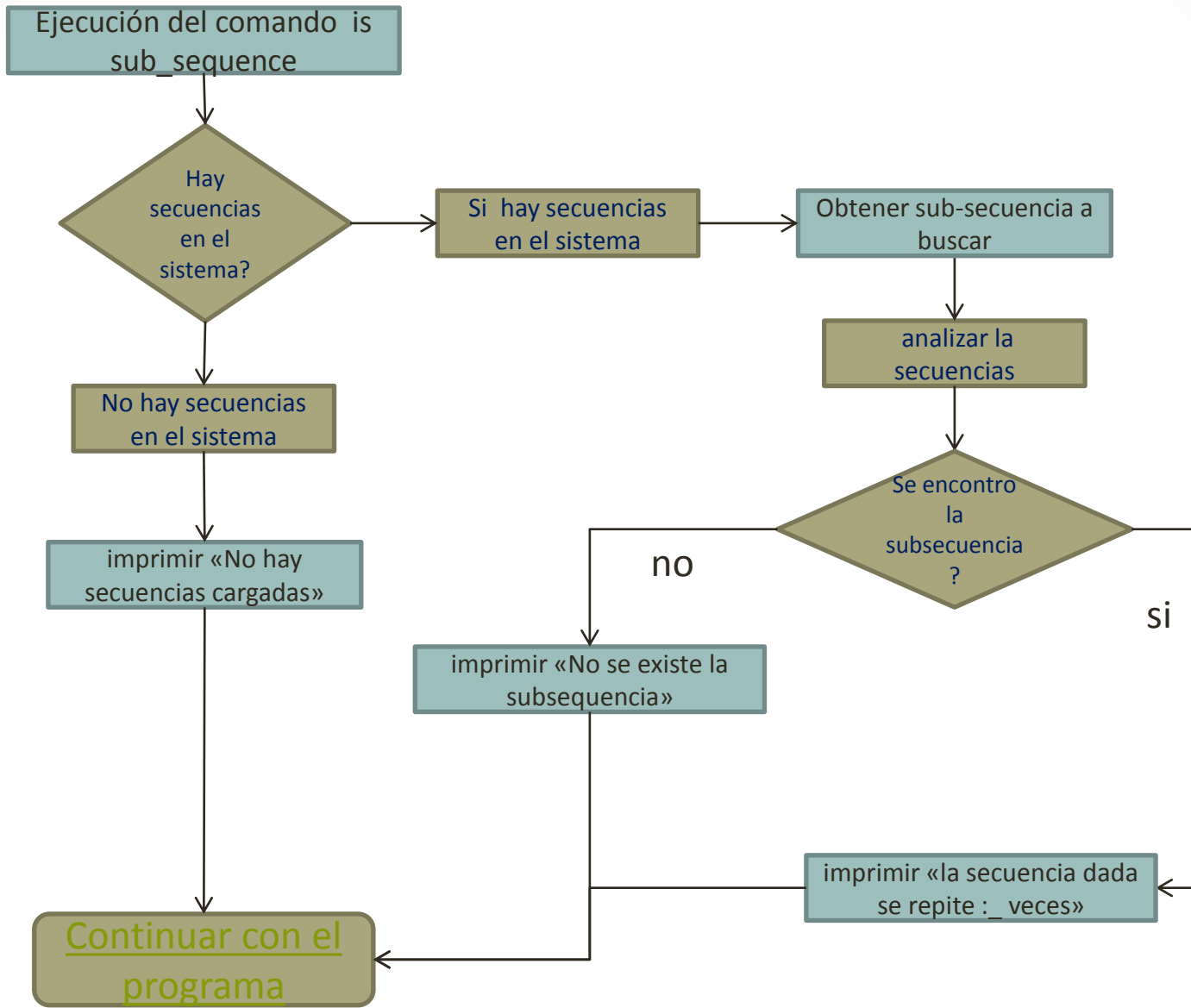


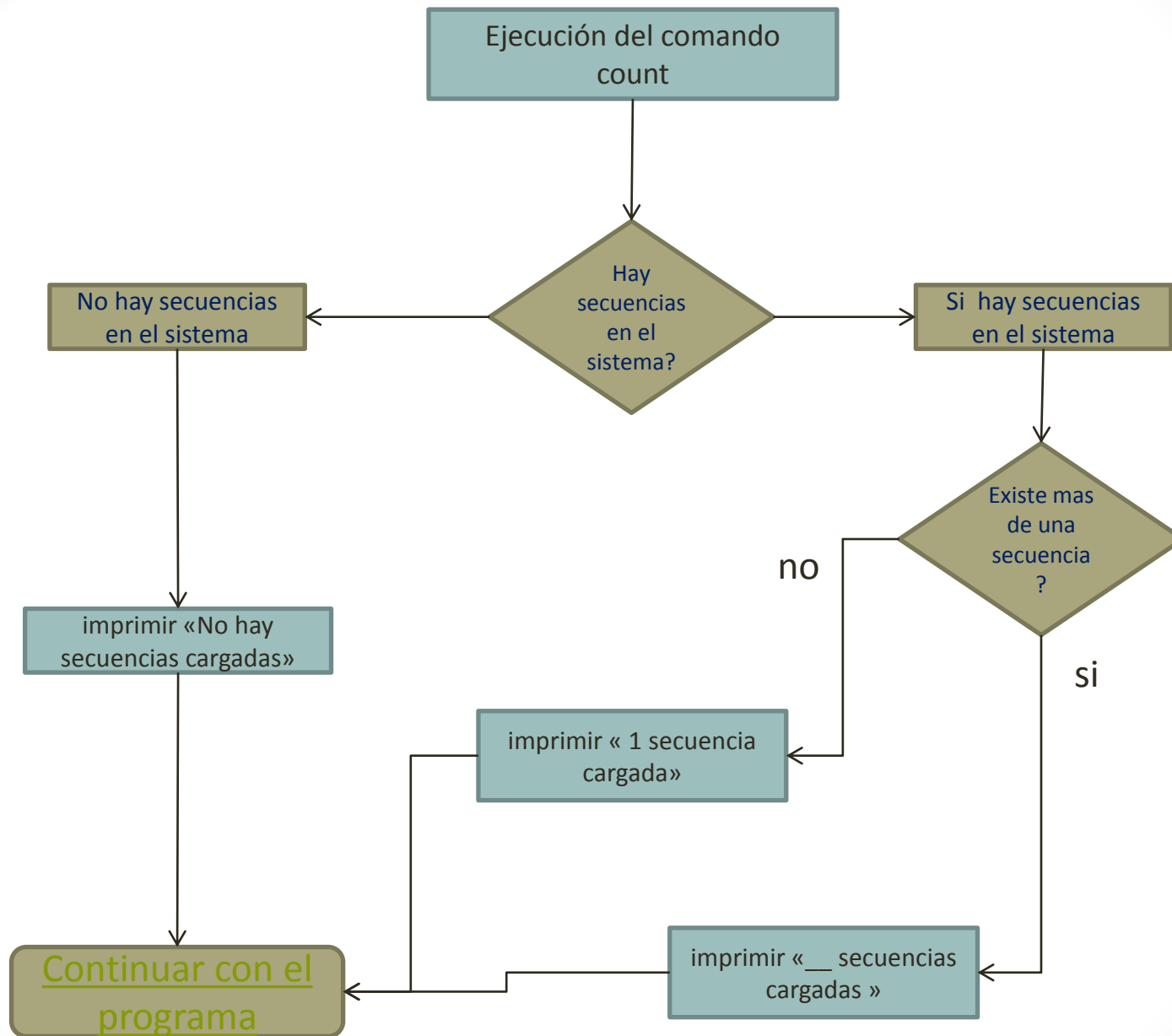


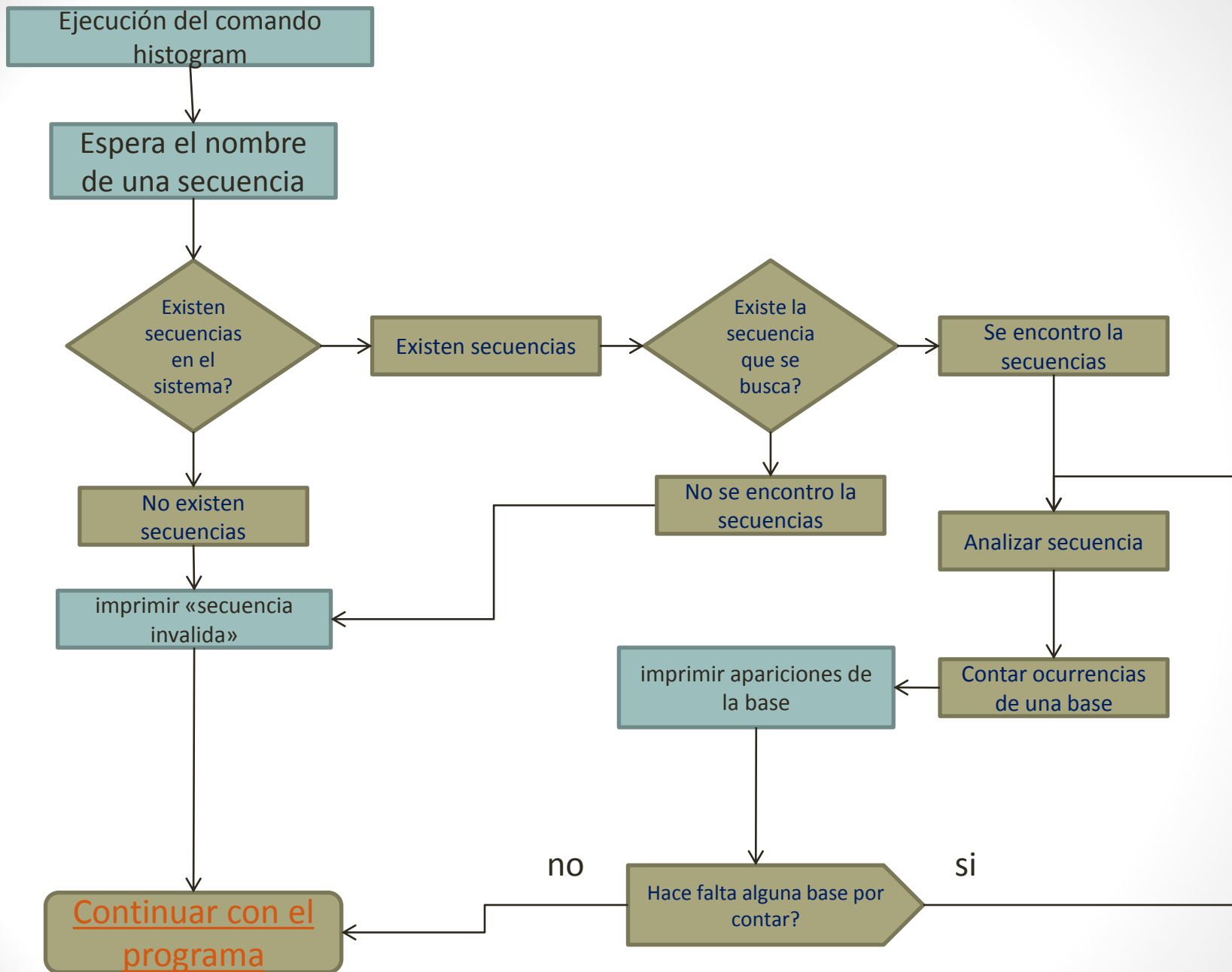












TAD Cadena

Conjunto mínimo de datos

- tipo, cadena, identifica el tipo de cadena que es.
- cadena, cadena, es lo que contiene 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.

Operaciones del objeto

- CodigoGenetico(), Constructor de CodigoGenetico.
- getListCadenas(), 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.

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.

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

contar(codigo), Es la función que se llama cuando se recibe el comando count, recibeCodigoGenetico 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, recibeCodigoGenetico para mostrar las secuencias que pertenecen a eseCodigoGenetico.

subSecuencia(código,secuencia), Es la función que se llama cuando se recibe el comando is_subsequence, recibeCodigoGenetico 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, recibeCodigoGenetico 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, recibeCodigoGenetico y el nombre del archivo al cual se va a mandar los datos y posteriormente guardarlos.

class Class Model

