REGISTRO DE COVID-19

Con la reciente pandemia, el Gobierno te ha contratado para que desarrolles una aplicación que permita registrar los test efectuados a personas para verificar si fueron infectados con COVID-19.

Esta aplicación debe constar de dos componentes:

- Un frontend web
- Una API REST

Entregables

- Link al repositorio.
- Instrucciones en README.
- URL de la aplicación web (Nivel 3).

Consideraciones

- Incluir test automáticos
- Code coverage > 80%.
- La API puede recibir fluctuaciones agresivas de tráfico (entre 100 y 1 millón de peticiones por segundo).
- La API deberá utilizar una DB para persistir los análisis.

Nivel 1

Frontend

Listado de análisis



Registrar nuevo análisis



API

Listar todos los análisis registrados

• Endpoint: /covid/checks

Verb: GETResponse:

```
"results": [
  "id": 1111,
  "name": "Diego",
"country": "Argentina",
  "dna": ["ATGCGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"],
  "result": "infected"
},
  "id": 2222,
  "name": "Hernan",
  "country": "Argentina",
  "dna": ["ATGCGA", "CGGTAC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"],
  "result": "healthy"
},
  "id": 3333,
  "name": "Marcos",
  "country": "Brasil",
  "dna": ["AAAAGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGT", "CCCCTT", "TCACTT"],
  "result": "inmune"
```

Dar de alta un análisis

• Endpoint: /covid/checks

Verb: POSTRequest:

```
{|
| "name": "Diego",
| "country": "Argentina",
| "dna": ["ATGCGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"]
```

• Response:

```
{| "id": 1234, |
| "name": "Diego", |
| "country": "Argentina", |
| "dna": ["ATGCGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"], |
| "result": "infected"
```

Este endpoint permite detectar, basándose en su secuencia de ADN, si una persona ha sido infectada con el virus. Además, en caso de haber sido infectada, se quiere saber si generó o no anticuerpos.

DNA es un array de Strings que representan cada fila de una tabla de (NxN) con la secuencia del ADN. Las letras de los Strings solo pueden ser: A,T,C,G, las cuales representa cada base nitrogenada del ADN.

Para saber si una persona fue infectada, debes buscar secuencias de cuatro letras iguales, de forma horizontal o vertical.

Según la cantidad de secuencias encontradas:

- < 2: la persona no fue infectada.
- >= 2 y < 4: la persona se infectó pero no es inmune.
- >= 4: la persona se infectó y además es inmune.

Por ejemplo:

• ADN de persona NO infectada

ATGCGA
CGGTAC
TTATGT
AGAAGG
CCCCTA
TCACTG

• ADN de persona infectada pero NO inmune

ATGCGA CGGTGC TTATGT AGAAGG CCCCTA TCACTG

• ADN de persona infectada e inmune

AAAAGA CGGTGC TTATGT AGAAGT CCCCTT TCACTT

Nivel 2

Frontend

Listado de análisis con estadísticas



Detalle de un análisis



API

Obtener estadísticas de los resultados de los análisis

• Endpoint: /covid/stats

Verb: GETResponse:

"healthy": 10, "infected": 10, "immune": 10

Obtener el detalle de un análisis

• Endpoint: /covid/checks/{id}

Verb: GETResponse:

```
["id": 1234,
"name": "Diego",
"country": "Argentina",
"dna": ["ATGCGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"],
"result": "infected"
```

Nivel 3

Frontend

Listado de análisis con filtros



API

Hostear la API en un cloud computing libre (Google App Engine, Amazon AWS, etc).

Filtrar análisis

Se deberá poder filtrar los análisis por los atributos country y

result. Observación: es suficiente que se pueda filtrar por uno a la

vez.

• Endpoint: /covid/checks/search?key=X&values=Y,Z

```
• Verb: GET
```

• Response:

```
"results": [

[
"id": 1111,
"name": "Diego",
"country": "Argentina",
"dna": ["ATGCGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"],
"result": "infected"
],
[
"id": 2222,
"name": "Hernan",
"country": "Argentina",
"dna": ["ATGCGA", "CGGTAC", "TTATGT", "AGAAGG", "CCCCTA", "TCACTG"],
"result": "healthy"
],
[
"id": 3333,
"name": "Marcos",
"country": "Brasil",
"dna": ["AAAAGA", "CGGTGC", "TTATGT", "AGAAGT", "CCCCTT", "TCACTT"],
"result": "inmune"
]
```