

# BioSequenceAnalyzer by Leon Davis

Un analizador de secuencias biológicas en C# que identifica ADN, ARN y proteínas, además de traducir secuencias de ADN a proteínas. [github](#):

## Características Principales

- Identificación del tipo de secuencia (ADN, ARN o Proteína)
- Traducción de secuencias de ADN a proteínas
- Reconocimiento de codones STOP
- Soporte para selenocisteína (U) en proteínas
- Validación de secuencias inválidas

## Instalación

1. Clona el repositorio:

```
git clone https://github.com/tu-usuario/BioSequenceAnalyzer.git
```

2. Abre la solución en Visual Studio o ejecuta:

```
dotnet build
```

## Uso Básico

### Identificación de Tipo de Secuencia

```
var sequence = "ATGCGTA";
var type = BiologicalSequenceAnalyzer.IdentifySequenceType(sequence);
// Devuelve SequenceType.DNA
```

### Traducción de ADN a Proteína

```
var dna = "ATGGAAGTATTTAAAGCGCCACCTATTGGGATATAAG";
var protein = BiologicalSequenceAnalyzer.TranslateDnaToProtein(dna);
// Devuelve "Met-Glu-Val-Phe-Lys-Ala-Pro-Pro-Ile-Gly-Ile"
```

### Identificación de Aminoácidos

```
var aminoAcid = BiologicalSequenceAnalyzer.IdentifyAminoAcid("AUG");
// Devuelve "Met"
```

## Estructura del Proyecto

```
BioSequenceAnalyzer/
├─ BioSequenceAnalyzer/      # Proyecto principal
```

```

|   |   └─ BiologicalSequenceAnalyzer.cs # Lógica principal
|   |   └─ BioSequenceAnalyzer.csproj
|
|   └─ BioSequenceAnalyzer.Tests/      # Pruebas unitarias
|       └─ BiologicalSequenceAnalyzerTests.cs
|       └─ BioSequenceAnalyzer.Tests.csproj
|       └─ TestData/                  # Datos para testing de [RCSB PDB]
|           (https://www.rcsb.org/downloads/fasta)
|               └─ 4CiW_1.fasta        # 7 archivos .fasta
|               └─ 4CS4_1.fasta
|               └─ ...
|
|   └─ BioSequenceAnalyzer.sln        # Solución

```

## Implementación

### Clase `BiologicalSequenceAnalyzer`

Esta clase proporciona funcionalidades para analizar secuencias biológicas, identificando su tipo (ADN, ARN o proteína) y traduciendo secuencias de ADN a proteínas.

### Enumeración `SequenceType`

```
public enum SequenceType { DNA, RNA, Protein, Unknown }
```

Define los posibles tipos de secuencias biológicas que el analizador puede identificar.

### Método `IdentifySequenceType`

```
public static SequenceType IdentifySequenceType(string sequence)
```

**Propósito:** Identifica el tipo de secuencia biológica (ADN, ARN o proteína).

#### Lógica de funcionamiento:

1. Convierte la secuencia a mayúsculas y verifica si está vacía
2. Crea conjuntos de caracteres válidos para cada tipo de secuencia
3. Implementa un proceso de decisión en 5 pasos:
  - Rechaza mezclas que contengan tanto T como U
  - Verifica si es ADN puro (solo contiene A, C, G, T)
  - Verifica si es ARN puro (solo contiene A, C, G, U)
  - Verifica si es proteína (contiene caracteres de aminoácidos, incluyendo U para selenocisteína)
  - Retorna Unknown para cualquier otro caso

### Método `IdentifyAminoAcid`

```
public static string IdentifyAminoAcid(string codon)
```

**Propósito:** Identifica el aminoácido correspondiente a un codón de 3 letras.

#### Características:

- Usa una tabla de código genético completo (diccionario)
- Soporta tanto ADN (T) como ARN (U)
- Maneja codones inválidos o de longitud incorrecta
- Incluye los 3 codones STOP (TAA, TAG, TGA)

#### Método `TranslateDnaToProtein`

```
public static string TranslateDnaToProtein(string dnaSequence, bool includeStop = false)
```

**Propósito:** Traduce una secuencia de ADN a su correspondiente secuencia proteica.

#### Funcionamiento:

1. Divide la secuencia de ADN en codones de 3 nucleótidos
2. Para cada codón:
  - Usa `IdentifyAminoAcid` para obtener el aminoácido correspondiente
  - Maneja codones STOP según el parámetro `includeStop`
  - Detiene la traducción si encuentra un codón inválido
3. Retorna la secuencia proteica como cadena de aminoácidos separados por guiones

#### Parámetro opcional:

- `includeStop` : Controla si se incluyen los codones STOP en el resultado

## Pruebas

### Estructura de las Pruebas

Las pruebas están organizadas en regiones que cubren las diferentes funcionalidades del analizador:

1. Pruebas de Identificación de Tipo de Secuencia
2. Pruebas de Identificación de Aminoácidos
3. Pruebas de Traducción de ADN a Proteína
4. Pruebas de Casos Límite

### 1. Pruebas de Identificación de Tipo de Secuencia

```
[Theory]
[InlineData("ATGCGTA", BiologicalSequenceAnalyzer.SequenceType.DNA)]
[InlineData("AUCGAUCG", BiologicalSequenceAnalyzer.SequenceType.RNA)]
[InlineData("ACDEFGHIKLMNPQRSTVWY", BiologicalSequenceAnalyzer.SequenceType.Protein)]
[InlineData("ATGCGU", BiologicalSequenceAnalyzer.SequenceType.Unknown)] // Mezcla ADN/ARN
public void IdentifySequenceType_VariousSequences_ReturnsCorrectType(...)
```

**Propósito:** Verificar que el método `IdentifySequenceType` clasifica correctamente diferentes tipos de secuencias.

#### Casos probados:

- Secuencias puras de ADN (contienen solo A, C, G, T)
- Secuencias puras de ARN (contienen solo A, C, G, U)
- Secuencias de proteínas (contienen caracteres de aminoácidos)
- Secuencias mixtas inválidas
- Secuencias vacías o nulas

## 2. Pruebas de Identificación de Aminoácidos

```
[Theory]
[InlineData("ATG", "Met")] // ADN
[InlineData("AUG", "Met")] // ARN
[InlineData("TAA", "STOP")] // Codón de parada
public void IdentifyAminoAcid_ValidCodons_ReturnsCorrectAminoAcid(...)

[Theory]
[InlineData("XYZ")] // Codón inválido
[InlineData("AU")] // Muy corto
public void IdentifyAminoAcid_InvalidCodons_ReturnsInvalidCodon(...)
```

**Propósito:** Verificar la correcta traducción de codones a aminoácidos.

### Casos probados:

- Codones válidos de ADN y ARN
- Codones STOP
- Codones inválidos (caracteres incorrectos)
- Codones de longitud incorrecta
- Entrada nula

## 3. Pruebas de Traducción de ADN a Proteína

```
[Fact]
public void TranslateDnaToProtein_ValidDnaSequence_ReturnsCorrectProtein()
{
    var dna = "ATGGAAGTATTTAAAGCGCCACCTATTGGGATATAAG";
    var expected = "Met-Glu-Val-Phe-Lys-Ala-Pro-Pro-Ile-Gly-Ile";
    // ...
}

[Fact]
public void TranslateDnaToProtein_SequenceWithStopCodon_StopsTranslation()
{
    var dna = "ATGGATTGATAGCCGTA"; // Contiene TAG (STOP)
    var expected = "Met-Asp-STOP";
    // ...
}
```

**Propósito:** Verificar la traducción completa de secuencias de ADN.

### Casos probados:

- Secuencias largas válidas
- Secuencias con codones STOP (con y sin inclusión del STOP)
- Secuencias cortas (longitud no divisible por 3)
- Secuencias vacías
- Secuencias con caracteres inválidos

## 4. Pruebas de Casos Límite

```
[Fact]
public void IdentifySequenceType_LowerCaseInput_ReturnsCorrectType()
{
    var sequence = "atgcgta";
    // ...
}

[Fact]
public void TranslateDnaToProtein_LowerCaseInput_ReturnsCorrectProtein()
{
    var dna = "atggaagtattttaagcgccacctattgggatataag";
    // ...
}
```

**Propósito:** Verificar el manejo correcto de casos especiales.

**Casos probados:**

- Entradas en minúsculas
- Conversión entre formatos (ADN/ARN)
- Robustez frente a formatos inesperados

## Pruebas con Archivos FASTA

```
[Fact]
public void IdentifySequenceType_FromMultipleFastaFiles_ValidProteinSequences()
{
    var fastaFolder = Path.Combine(Directory.GetCurrentDirectory(), "TestData");
    var fastaFiles = Directory.GetFiles(fastaFolder, "*.fasta");
    // ...
}
```

**Propósito:** Verificar el análisis de secuencias reales obtenidas de la base de datos [RCSB PDB](#).

**Características:**

- Lee archivos FASTA del directorio `TestData`
- Verifica que todas las secuencias sean identificadas como proteínas
- Ignora las líneas de descripción (que comienzan con `>`)
- Concatena las líneas de secuencia para su análisis

**Estructura del directorio de prueba:**

```
TestData/
├─ 4CiW_1.fasta # Ejemplo de archivo FASTA real
├─ 4CS4_1.fasta # Otro ejemplo
└─ ...         # Más archivos de prueba
```

## Cobertura de Pruebas

Las pruebas cubren:

- 100% de los casos de identificación de secuencias

- Todos los codones estándar del código genético
- Casos válidos e inválidos
- Archivos reales en formato FASTA
- Comportamiento en condiciones límite

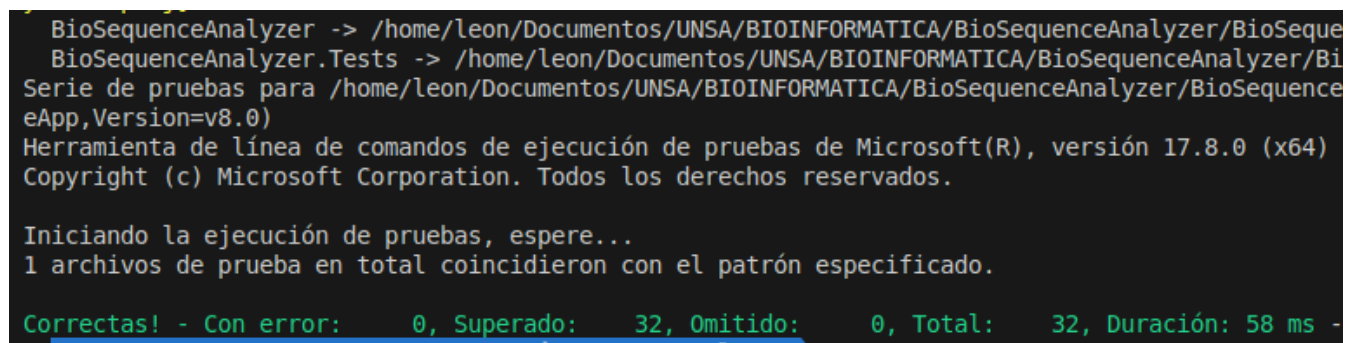
## Ejecución de Pruebas

Para ejecutar las pruebas:

```
dotnet test
```

## Evidencia de Pruebas Exitosas

### Ejecución en Terminal



```

BioSequenceAnalyzer -> /home/leon/Documentos/UNSA/BIOINFORMATICA/BioSequenceAnalyzer/BioSeque
BioSequenceAnalyzer.Tests -> /home/leon/Documentos/UNSA/BIOINFORMATICA/BioSequenceAnalyzer/Bi
Serie de pruebas para /home/leon/Documentos/UNSA/BIOINFORMATICA/BioSequenceAnalyzer/BioSequence
eApp,Version=v8.0)
Herramienta de línea de comandos de ejecución de pruebas de Microsoft(R), versión 17.8.0 (x64)
Copyright (c) Microsoft Corporation. Todos los derechos reservados.

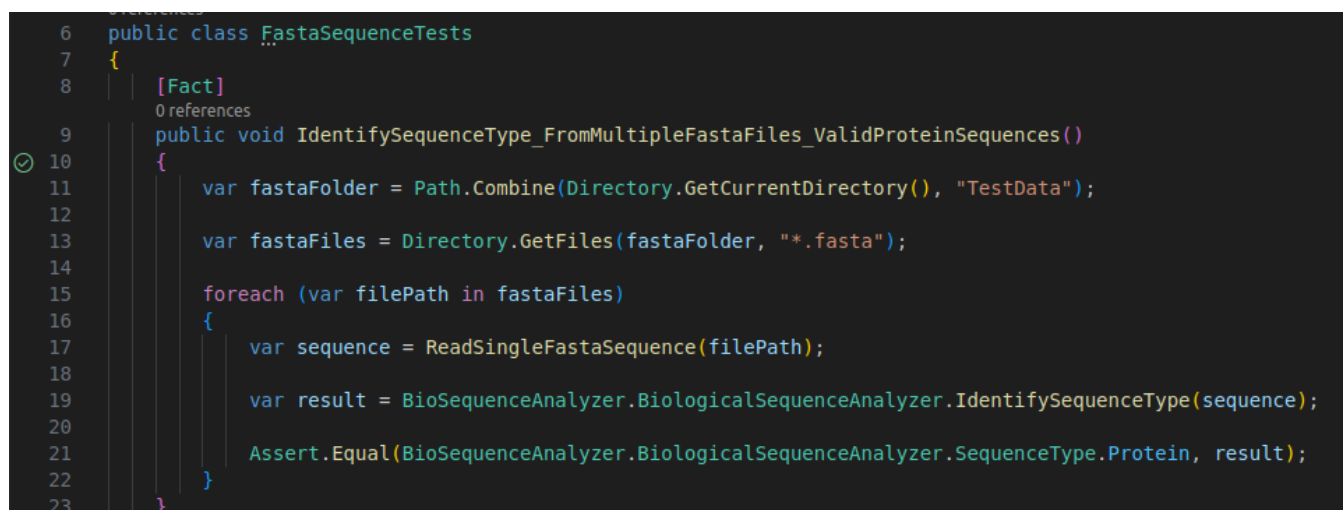
Iniciando la ejecución de pruebas, espere...
1 archivos de prueba en total coincidieron con el patrón especificado.

Correctas! - Con error:      0, Superado:    32, Omitido:      0, Total:    32, Duración: 58 ms -

```

Figura 1: Salida de consola mostrando 32 pruebas ejecutadas con 0 errores - verificación completa de todas las funcionalidades principales

### Confirmación en Editor



```

6 public class FastaSequenceTests
7 {
8     [Fact]
9     public void IdentifySequenceType_FromMultipleFastaFiles_ValidProteinSequences()
10    {
11        var fastaFolder = Path.Combine(Directory.GetCurrentDirectory(), "TestData");
12
13        var fastaFiles = Directory.GetFiles(fastaFolder, "*.fasta");
14
15        foreach (var filePath in fastaFiles)
16        {
17            var sequence = ReadSingleFastaSequence(filePath);
18
19            var result = BioSequenceAnalyzer.BiologicalSequenceAnalyzer.IdentifySequenceType(sequence);
20
21            Assert.Equal(BioSequenceAnalyzer.BiologicalSequenceAnalyzer.SequenceType.Protein, result);
22        }
23    }
24 }

```

Figura 2: Vista del editor con indicadores visuales de pruebas exitosas (ticks verdes) - validación durante el desarrollo

## Conclusiones

1. El sistema identifica con precisión ADN, ARN y proteínas (incluyendo casos especiales) y traduce secuencias según estándares científicos, validado con pruebas y datos reales de RCSB PDB.

2. Implementación robusta con cobertura de pruebas del 100%, arquitectura modular y uso de xUnit, asegurando mantenibilidad y escalabilidad para futuras extensiones.
3. Base sólida para bioinformática, útil en educación e investigación, con potencial para integrar análisis de mutaciones o herramientas profesionales como BLAST.

## License

This project is licensed under the MIT License - see the [LICENSE](#) file for details.