

TAD Sistema
Interfaces -Conjunto de secuencias(list_secuencia): conjunto de secuencias, En este conjunto se van a almacenar todas las secuencias que se lean por el archivo FASTA.
Estados -Sistema(): N/A, este es el constructor de nuestro TAD. -estaVacio(): verdadero/falso, esta función denota si el conjunto de secuencias dentro de nuestro TAD tiene información sobre alguna secuencia. -cargar(cadena de caracteres): N/A, esta función tiene como propósito leer y cargar la información contenida en un archivo FASTA. 1. Precondiciones: El archivo debe cumplir con un formato, el archivo debe existir 2. Postcondiciones: Las secuencias con sus respectivos genomas van a quedar cargadas en la lista de secuencias del sistema. Si había información de otro archivo anterior, esta se sobrescribe. -listar(): N/A, esta fucnión tiene como objetivo mostrar la información básica de cada secuencia teniendo en cuenta las restricciones de los caracteres especiales. 1. Precondiciones: Deben haber secuencias en el sistema 2. Postcondiciones: Una lista de información sobre cada secuencia como cuantas bases tiene etc... -histograma(cadena de caracteres): N/A, tiene como objetivo hacer un conteo de la aparición de cada base dentro de una secuencia. La secuencia se pasa por su nombre y se busca dentro del conjunto de secuencias en el sistema. 1. Precondiciones: Deben haber secuencias cargadas en el sistema, debe haber al menos una secuencia con un nombre igual al parámetro de la función 2.Postcondiciones: Una lista en pantalla con la cantidad de veces que aparece una base en la secuencia asociada. -subsecuencia(cadena de caracteres): N/A, objetivo encontrar todas las coincidencias de una subsecuencia en el genoma. 1. Precondiciones: Deben haber subsecuencias cargadas en el sistema 2. Postcondiciones: Una salida en pantalla que indique si se han encontrado coincidencias con esa subsecuencia y en cuantas secuencias se ha logrado encontrar. -enmascarar(cadena de caracteres): N/A, objetivo encontrar las coincidencias a una cadena de caracteres pasada por parámetro hacia la función. Esta es buscada dentro de todas las secuencias y reemplazada por X en tatos caracteres se tengan en la cadena a buscar. 1. Precondiciones: Tienen que haber secuencias en el sistema 2. Postcondiciones: Todas las coincidencias de la cadena de caracteres reemplazadas en todas las secuencias. -guardar(cadena de caracteres): N/A, objetivo crear un archivo con toda la información del sistema siguiendo exactamente el mismo formato con el que fue leído. Esto implica tener en cuenta el ancho de cada linea de bases para que coincida perfectamente. 1. Precondiciones: Tiene que haber información de secuencias en el sistema 2. Postcondiciones: Un archivo con nombre correspondiente a la cadena de caracteres pasada por parámetro a la función, en él se contiene toda la información que tiene sistema para ese momento.

TAD Secuencia
Interfaces -Nombre(name), cadena de caracteres, almacena el nombre asociado a la secuencia así como es su identificador dentro del sistema -Bases Nitrogenadas(code), conjunto de caracteres singulares, almacena el conjunto de bases asociado a la secuencia. -Ancho de linea(ancho), Numérico entero, tiene como función guardar el ancho de la línea de lectura durante el cargado del archivo de tal forma que al escribir el archivo, queda con el mismo ancho.
Estados -Secuencia(): N/A, constructor vacío del TAD secuencia -Secuencia(cadena de caracteres, conjunto de caracteres singulares, Numérico entero): N/A, Contructor completo del TAD secuencia. 1. Precondiciones: Las variables que se le pasen a la función deben ser válidas 2. postcondiciones. Un nuevo TAD de secuencia -getName(): una constante de una cadena de caracteres, sirve para consultar el nombre de cada secuencia. -getCode(): una constante de un grupo de caracteres singulares, cumple con el objetivo de consultar toda las bases asociadas a una secuencia (el genoma) -getAncho(), un constante entero, consultar el ancho asociado a cada secuencia. -setName(cadena de caracteres): N/A, establecer un nombre a una secuencia 1. Precondiciones: Debe existir el TAD 2. Postcondiciones: La secuencia tendrá una cadena de caracteres como nombre -setCode(conjunto de caracteres singulares): N/A, establecer las bases asociadas a una secuencia 1, Precondiciones: Debe existir el TAD 2. Postcondiciones: La secuencua tendrá una lista de bases nitrogenadas asociada a ella. -setAncho(Numérico entero): N/A, establecer el ancho de cada secuencia con el objetivo de que cuando se guarde el archivo, quede con la misma rúbrica que en el primer archivo. 1. Precondiciones: Se debe haber leído la línea correctamente para poder establecer un ancho correspondiente. 2. Postcondiciones: La secuencia tiene un ancho de impresión asociado.