

ESPECIFICACIONES:

El trabajo de implementaciones de patrones de diseño de software, se desarrolló bajo el lenguaje de programación Java, se utilizó la librería mysql-connector-j 9-5-0 para establecer la conexión a base de datos.

IDE : netbeans

Motor de base de datos : MySQL Workbench

Ejecutar el **Script BDsecuencias**

1. ARRANQUE DEL SISTEMA:

- a. Packages arquitecturas : se encuentra la Main ARQUITECTURAS.JAVA
 - i. Cambiar la ruta donde se encuentra el archivo FASTA guardado, en la variable rutaArchivo
 - ii. Al ejecutar el programa, el archivo Fasta es guardado en bases de datos en la tabla secuencia, se guarda el id de la secuencia y la secuencia, si el archivo tiene más de 1 secuencias, se guarda cada una por separado. Si la secuencia ya está en base de datos se muestra por consola y si no está en base de datos informa que ya se guarda correctamente.
 - iii. El sistema muestra por consola los pasos de lo realizado, Ejemplo:

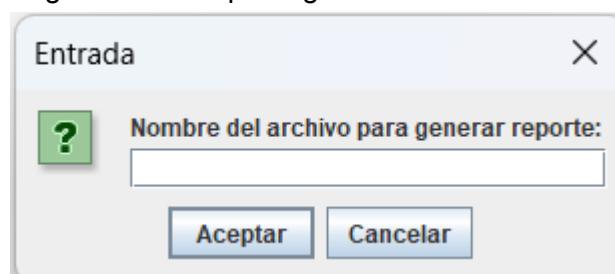
```
--- Lectura del archivo FASTA (Facade/Builder) ---
cantidad de secuencias 4

--- Guardado en DB (Proxy/Singleton) ---
PROXY: Autorización concedida. Verificando en DB.
Conexión a BD establecida
encontrado
encontradoNC_049230.1:19833116-19896786 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
encontradoNC_049269.1:19464421-19527988 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
encontradoNC_049750.1:19730981-19794752 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
encontradoNC_051813.1:20677057-20743989 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
La secuencia ya esta en BD

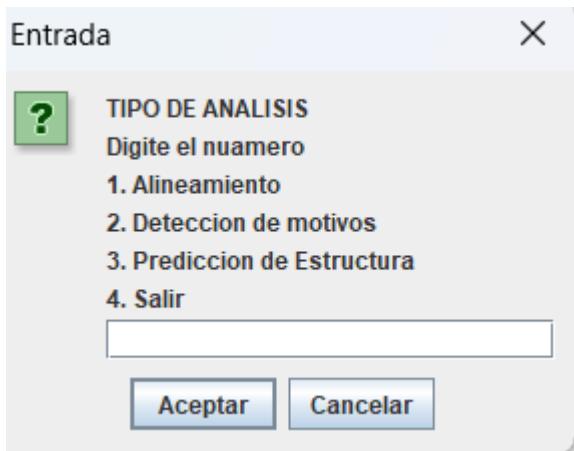
--- Análisis de Secuencias (Factory/Strategy) ---
1
Conexión a BD establecida
1
Conexión a BD establecida
```

2. EJECUCIÓN:

- a. Aparece un opción de entrada que solicita el nombre del archivo con el que se guardará el reporte generado.



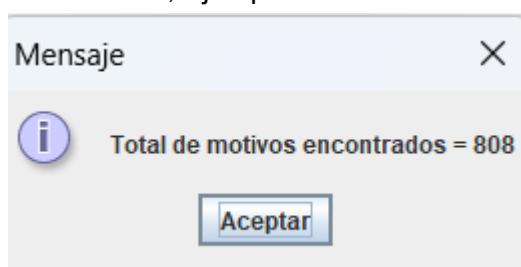
- b. Aparece un menú de opciones que solicita el tipo de análisis que desea realizar, al elegir una opción el sistema le informa la cantidad de secuencias en base de datos, cada una es identificada por un número secuencialmente, si elige la opción:



- i. Alineamiento (opción 1) : debe elegir un número desde 1 hasta el límite de secuencias que se le informa que existen, le solicita elegir dos secuencias, por cada una debe ingresar un número que cumpla el límite, la primera secuencia y la segunda secuencia para ser analizadas, al final le mostrará, conteo de la secuencia 1, conteo de la secuencia 2, identificación de la secuencia más larga, y porcentaje de similitud entre las dos secuencias. Ejemplo:



- El sistema vuelve a mostrar el menú para elegir otro tipo de análisis o si desea realizar el mismo.
- ii. Detección de motivos (opción 2) :
 1. El sistema le informa la cantidad de secuencias que existen, le solicita elegir una ingresando un número que cumpla el límite
 2. El sistema le solicita ingresar un motivo Ejemplo: aaa o AAA, ATC o atc
 3. El sistema le muestra la cantidad de motivos encontrados en la secuencia, Ejemplo : aaa



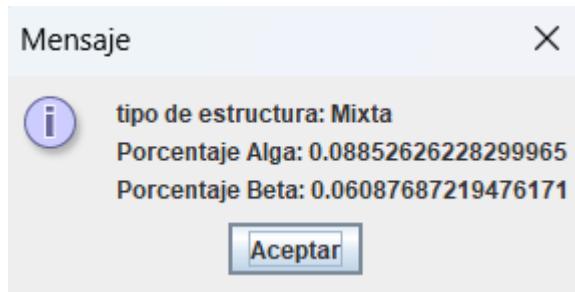
4. Las posiciones se muestran por consola

Conexión a BD establecida
POSICIONES EN LA QUE SE ENCUENTRA EL MOTIVO
45
91
130
221
381
427
463
477
505
531

El sistema vuelve a mostrar el menú para elegir otro tipo de análisis o si desea realizar el mismo.

iii. Predicción de estructura (opción 3)

1. El sistema le informa la cantidad de secuencias que existen le solicita elegir una ingresando un número que cumpla el límite
2. El sistema le muestra el resultado del análisis, Ejemplo:



iv. Salir (opción 4): Al elegir esta opción, se genera un archivo csv con el reporte de los análisis elegidos, debe buscar en su pc en la opción de descargas, Ejemplo de reporte:

```
prueba2.csv          x  reporte.csv           | prueba.csv           | hola.csv
Archivo   Editar   Ver

ALINEAMIENTO DE SECUENCIA
Primera Secuencia
NC_049269.1:19464421-19527988 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
Segunda Secuencia
NC_049750.1:19730981-19794752 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
Conteo Secuencia 1 : 63568
Conteo Secuencia 2: 63772
Secuencia más larga
NC_049750.1:19730981-19794752 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
Similitud : 99,68%
DETECCION DE MOTIVOS
Secuencia
NC_051813.1:20677057-20743989 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
Motivo: AAA
Cantidad de motivos encontrados : 808
CONTEO DE SECUENCIA
Secuencia
NC_049269.1:19464421-19527988 BRCA1 [organism=Canis lupus familiaris] [GeneID=403437] [chromosome=9]
Tipo de Estructura : Mixta
Porcentaje Alfa : 0.09371201431459482
Porcentaje Beta : 0.0635998407067996
```

NOTA: cada que elige un análisis, el sistema verifica en bases de datos si ese análisis ya existe, si existe realiza una consulta y muestra los resultados, de lo contrario realiza los cálculos correspondientes y los guarda en base de datos.