

Introducción

A continuación se describe brevemente cada uno de los componentes del sistema.

Catálogo de componentes

- **System:** corresponde a la aplicación en sí, la cual esta formada por los siguiente componentes:
 - **Main:** corresponde al módulo principal en términos de ejecución del sistema.
 - **MasterOfPuppets (MOP):** comprende la inicialización e invocación de los demás componentes. Coordina y gestiona la mayoría de las interacciones entre módulos.
 - **ICodonUsageModifier:** interface que permite la humanización de secuencias.
 - **GeneDesign:** representa el componente encargado de generar secuencias humanizadas. Dada una secuencia original, genera la secuencia humanizada correspondiente. Dicho módulo es externo a este desarrollo, y para ello se emplea el software *GeneDesign*.
 - **OutputsGenerator:** comprende la generación de archivos. Se crean tanto archivos como RNA_m se analizen.
 - **CodingSectionObtainer:** componente que permite obtener la sección codificante específica.
 - **TableGenerator:** este componente es el encargado de rellenar las tablas. Para ello, realiza el matching por complemento y el cálculo de score entre secuencias de RNA_m y small- RNA_s .
 - **IFold:** representa la interface encargada del folding de secuencias.
 - **IHybridize:** corresponde a la interface encargada de la hibridización de secuencias.
- **Mili:** corresponde a una colección de funciones de C++, para resolver detalles de implementación.
- **fideo:** corresponde a una librería parcialmente ya implementada. Provee al sistema la funcionalidad de “*folding*” e hibridación.
- **Biopp:** biblioteca C++ para Biología Molecular. Permite la manipulación de secuencias de ácidos nucleicos.

- **Biopp-filer:** para la lectura de secuencias en formato FASTA.
- **getoptpp** para facilitar el manejo de entrada estándar.