Documento de diseño entrega 1

Richard Fonseca Nelson Mosquera Andrés Torres

En este primera entrega se trabajaron ocho funciones, las cuales fueron clave en los diseños de los TADs usados en el desarrollo de la misma. Las funciones y su información de entrada, si la hay, y salida son:

- cargar:
 - o Información de entrada: nombre del archivo a cargar
 - o Información de salida: mensaje de reporte de estado
- conteo
 - Información de entrada: N/A
 - Información de salida: cantidad de secuencias en memoria
- listar secuencias
 - Información de entrada: N/A
 - Información de salida: mensaje de información básica de las secuencias si las hay, en caso contrario mensaje de reporte de error
- histograma
 - o Información de entrada: descripción de una secuencia
 - Información de salida: en caso de que la secuencia sea valida se muestra en pantalla el histograma de cada base y del carácter especial "-", de lo contrario se muestra un mensaje de reporte de error
- es subsecuencia
 - Información de entrada: secuencia que se desea buscar dentro de las secuencias cargadas en memoria
 - Información de salida: mensaje que indica la cantidad de veces que la secuencia de entrada se encuentra en las secuencias cargas, en caso de que no se encuentre o no haya secuencias cargadas en memoria se muestra un mensaje de reporte de error
- enmascarar
 - Información de entrada: secuencia que se desea enmascarar dentro de las secuencias cargadas en memoria
 - Información de salida: mensaje que indica la cantidad de veces que la secuencia de entrada fue enmascarada en las secuencias cargas, en caso de que no se encuentre o no haya secuencias cargadas en memoria se muestra un mensaje de reporte de error
- guardar
 - o Información de entrada: nombre del archivo a cargar
 - o Información de salida: mensaje de reporte de estado
- salir
 - o Información de entrada: N/A
 - Información de salida: N/A

Los TADs creados para la solución del problema son los siguientes:

TAD Secuencia

linea, lista<cadenas>, lineas que forman la secuencia descripción, cadena, descripción de la secuencia

cantiBase, entero largo, cantidad de bases que tiene la secuencia
Comportamientos(operaciones)
getLineas(), Retorna la lista de lineas
getDescipcione(), Retorna la descripción de la secuencia
histograma(), Obtiene el histograma de la secuencia
setDescripcion(nuevaDesc), Cambia la descripción por la contenida en nuevaDesc
agregarLinea(lineaNueva), Agrega una lineaNueva a la lista
esSubsecuencia(sub), Busca y cuenta cuantas veces se encuentra sub en toda la secuencia
enmascarar(sub), Busca sub en la secuencia y reemplaza todos los caracteres de sub con X
getCantiBase(), Retorna la cantidad de bases de la secuencia
setCantiBase(), Cambia el valor de la cantidad de bases
borrarLineas(), Elimina todas las lineas guardadas en la lista

TAD Archivo

Conjunto mínimo de datos:

nombre, cadena, Nombre del archivo

secuencias, lista<Secuencia>, Secuencias que hay en el archivo

Comportamientos(operaciones)

getNombreArchivo(), Retorna el nombre del archivo

setNombreArchivo(nombre), Cambia el valor del nombre del archivo por el valor del parámetro nombre

getSecuencias(), Retorna la lista de secuencias

agregarSecuencia(nuevaSec), Agrega nuevaSec a la lista de secuencias

getTamaSec(), Retorna la cantidad de secuencias que hay en la lista

listarSec(), Obtiene la información básica de cada secuencia(cantidad de bases)

imprimirSec(sec,sec_incompleta), Imprime la información básica de cada secuencia y

especifica si la secuencia esta completa o no

esSubSecuencia(sub), Busca y cuenta cuantas veces se encuentra sub en todas las secuencias enmascarar(sub), Busca sub en todas las secuencias y reemplaza todos los caracteres de sub con

X

histograma(desc), Obtiene el histograma de la secuencia con la descripción dada, en caso de que exista

guardar(nombre), Guarda la información cargada en memoria en el archivo de nombre "nombre"

borrarSec(), Vacia la lista de secuencias

TAD Sistema

Conjunto mínimo de datos:

archivo, Archivo, archivo cargado en memoria

Comportamientos(operaciones)

cargarArchivo(nombre), Carga en memoria el archivo nombre, en caso de que exista conteo(), Retorna la cantidad de secuencias cargadas en memoria

listar_secuencias(), Obtiene la información básica de cada secuencia(cantidad de bases) cargada en memoria

enmascarar(sub), Busca sub en todas las secuencias del archivo y reemplaza todos los caracteres de sub con \boldsymbol{X}

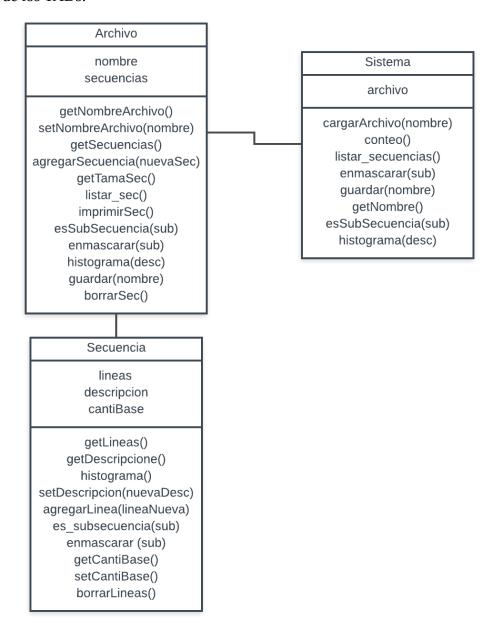
guardar(nombre), Guarda la información cargada en memoria en el archivo de nombre "nombre"

getNombre(), Retorna el nombre del archivo cargado en memoria

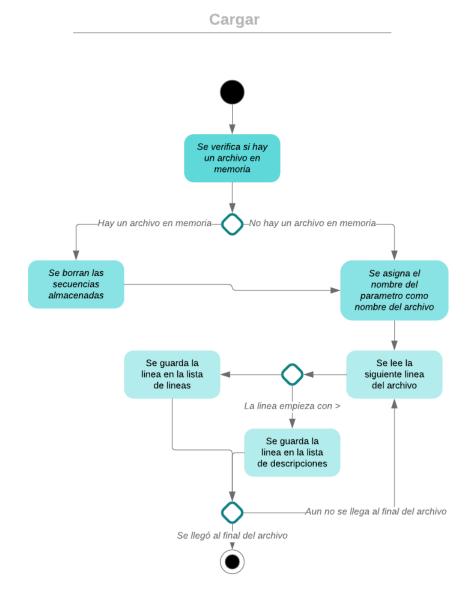
esSubSecuencia(sub), Busca y cuenta cuantas veces se encuentra sub en todas las secuencias del archivo cargado en memoria

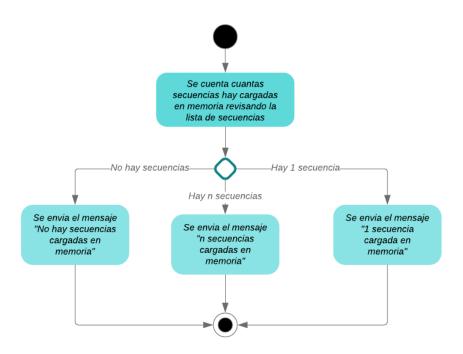
histograma(desc), Obtiene el histograma de la secuencia con la descripción dada, en caso de que exista

Tabla de relación de los TADs:

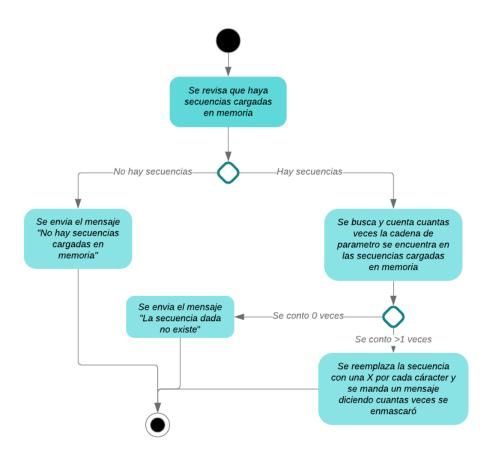


Diagramas de flujo funciones:

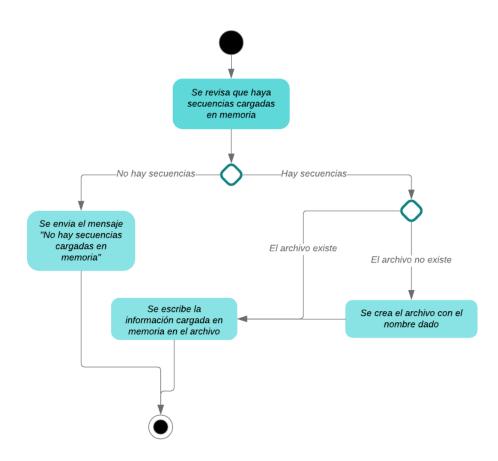




Enmascarar



Guardar



Histograma

