

 Proyecto CUPi2	ISIS-1204 Algorítmica y Programación Descripción
Ejercicio:	
Autor:	
Fecha:	

Descripción de la Aplicación

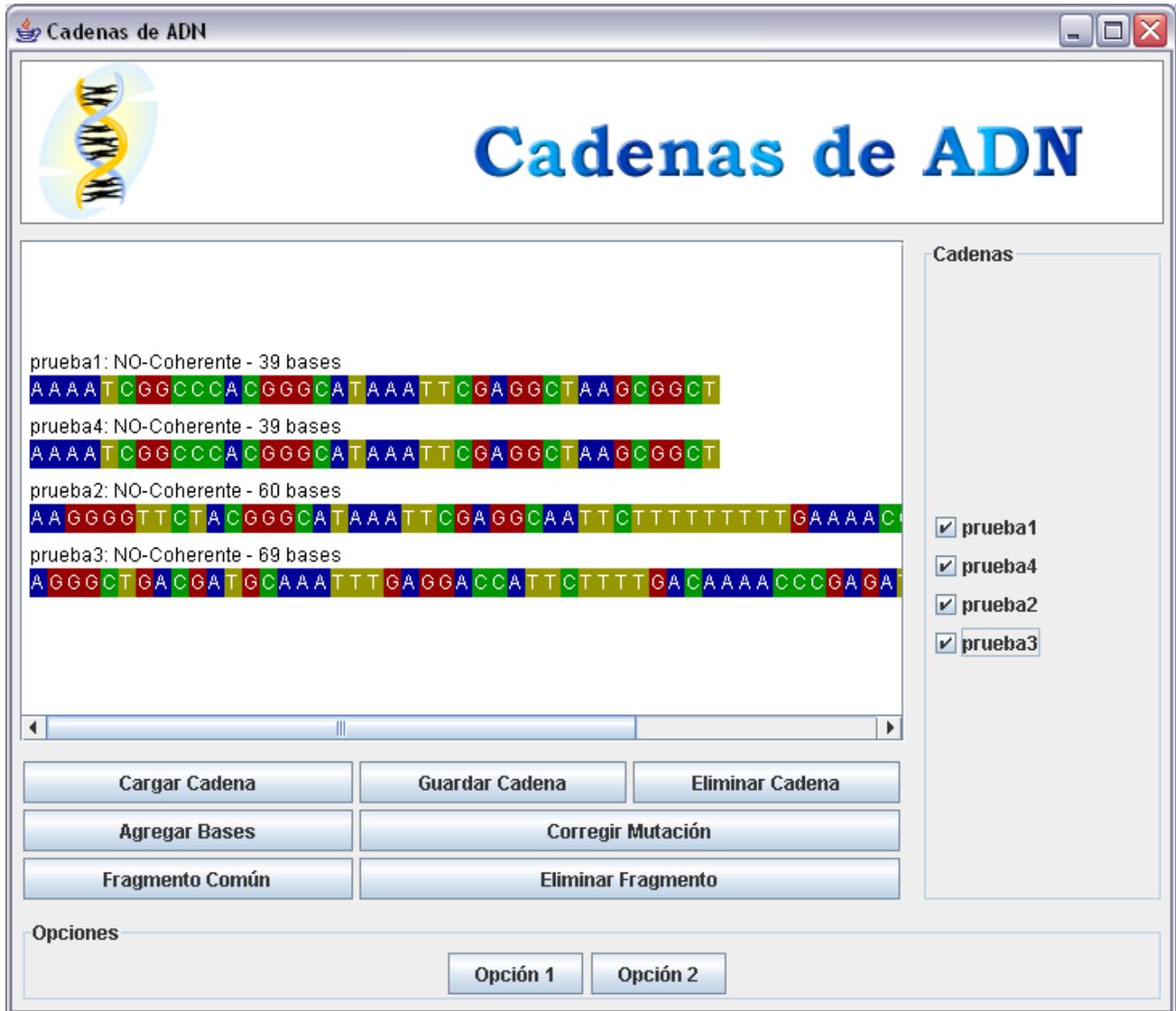
La aplicación que se va a construir permite la manipulación y visualización de cadenas de ADN.

Las cadenas iniciales se deberán cargar a partir de archivos de texto; las cadenas que se construyan transformando las iniciales podrán ser guardadas en archivos de texto usando el mismo formato.

Las operaciones que se pueden realizar sobre las cadenas son:

- Cargar una cadena
- Guardar una cadena
- Eliminar una cadena
- Agregarle a una cadena las bases nitrogenadas de otra
- Corregir una mutación en una cadena
- Encontrar el fragmento común más largo a un par de cadenas
- Eliminar un fragmento de una cadena

Interfaz



Cadenas de ADN

prueba1: NO-Coherente - 39 bases
A A A A T C G G C C C A C G G G C A T A A A T T C G A G G C T A A G C G G C T

prueba4: NO-Coherente - 39 bases
A A A A T C G G C C C A C G G G C A T A A A T T C G A G G C T A A G C G G C T

prueba2: NO-Coherente - 60 bases
A A G G G G T T C T A C G G G C A T A A A T T C G A G G C A A T T C T T T T T T T T T G A A A A C

prueba3: NO-Coherente - 69 bases
A G G G C T G A C G A T G C A A A T T T G A G G A C C A T T C T T T T G A C A A A A C C C G A G A

prueba1
 prueba4
 prueba2
 prueba3

Cargar Cadena Guardar Cadena Eliminar Cadena

Agregar Bases Corregir Mutación

Fragmento Común Eliminar Fragmento

Opciones

Opción 1 Opción 2

Ventana Principal

Descripción del Problema

Las cadenas de ADN son secuencias muy largas de elementos más sencillos llamados bases nitrogenadas y que pueden ser de 4 tipos. Diferentes secciones de una cadena determinan características diferentes en un individuo: la forma en la que se presenta esa característica depende exclusivamente de los tipos de bases nitrogenadas que haya dentro de la sección correspondiente de la cadena. Los tipos de base nitrogenada son 4: Adenina (A), Timina (T), Guanina (G) y Citosina (C).

En los seres vivos las cadenas de ADN no se componen de un solo hilo sino de dos hebras entrelazadas que forman una hélice y están unidas por sus bases nitrogenadas. Para que esta hélice pueda formarse se deben

respetar reglas que indican cuales bases se pueden juntar con cuales bases: la Adenina solamente puede juntarse con la Timina, mientras que la Citosina solamente puede juntarse con la Guanina. Dada una cadena de ADN, si esta se puede doblar por la mitad y formar los emparejamientos correctamente, en el contexto de esta aplicación vamos a llamarla *coherente*.

En esta aplicación tenemos entonces que modelar los conceptos de Base Nitrogenada y Cadena de ADN. Además, vamos a tener que trabajar con varias cadenas de ADN.

Los archivos de donde se guarda la información de las cadenas tienen dos líneas. En la primera se encuentra una descripción de la cadena. En la segunda se encuentra la secuencia de bases nitrogenadas, expresadas con sus iniciales (A, T, G y C).

Análisis

Las bases nitrogenadas constituyen el elemento más sencillo del sistema. Aunque estas bases están compuestas de varios elementos y tienen varias características, en el marco de esta aplicación solamente nos interesará su tipo (A, T, G o C).

Las cadenas de ADN que vamos a manejar solamente serán de una hebra y estarán compuestas por bases nitrogenadas. En estas cadenas es muy importante el orden de las bases nitrogenadas y que se trata de una estructura lineal. Esto quiere decir que deben existir un par de puntas de la cadena y debe ser posible recorrer todas las bases nitrogenadas yendo de una punta a la otra.

Finalmente, es necesario manejar conjuntos de Cadenas. Estas responsabilidades de administración serán de alguien llamado ProcesadorADN.

Diseño

A continuación se presentará el diseño de la solución, que está basado en listas encadenadas y doblemente encadenadas.

Estructura de la Solución

Los elementos detectados en el análisis tendrán una representación en el modelo de diseño con tres clases: ProcesadorADN, Cadena y BaseNitrogenada.

La clase BaseNitrogenada únicamente modela lo que nos interesa de las bases nitrogenadas: su tipo.

La clase Cadena representa una lista de bases nitrogenadas. Para poder hacer más eficientes las operaciones definidas sobre las cadenas, las bases estarán organizadas en una lista doblemente encadenada con cabeza y cola.

La clase ProcesadorADN se encargará de manejar un conjunto de Cadenas, organizadas según su tamaño dentro de una lista sencillamente encadenada de la que se conoce solamente la cabeza.

Descripción de las Clases

Nombre:	BaseNitrogenada
Descripción:	Esta clase representa a una base nitrogenada.



	Como cada BaseNitrogenada hace parte de una lista doblemente encadenada debe conocer al elemento anterior y al siguiente de la lista.
Asociaciones	
<i>ninguna</i>	<i>ninguna</i>
Responsabilidades:	Las responsabilidades de esta clase son: 1. mantener la información sobre su tipo 2. mantener las relaciones de orden dentro de la lista de bases nitrogenadas

Nombre:	Cadena
Descripción:	<p>Esta clase representa a una cadena de bases nitrogenadas.</p> <p>Cada Cadena debe conocer tanto a la primera como a la última de las bases nitrogenadas de la lista.</p> <p>Las Cadenas hacen parte de una lista sencillamente encadenada de Cadenas, así que deben conocer a la siguiente Cadena de la lista.</p>
Asociaciones	
BaseNitrogenada	La cadena conoce a la primera y la última BaseNitrogenada de una cadena.
Responsabilidades:	Además de garantizar la estructura de la lista de bases, esta clase debe implementar los algoritmos especificados en los requerimientos funcionales y ser capaz de crear nuevas Cadenas cuando sea necesario.

Nombre:	ProcesadorADN
Descripción:	Esta clase maneja múltiples instancias de la clase Cadena, que están organizadas en una lista sencillamente encadenada.
Asociaciones	
Cadena	El procesadorADN conoce a la primera cadena de la lista, y debe manejar varias de estas cadenas a medida que se vayan cargando o armando.
Responsabilidades:	Esta clase se encarga de delegar los requerimientos a la Cadena y manejar las nuevas Cadenas que se vayan creando. Además tiene la responsabilidad de garantizar que las cadenas permanezcan en orden a medida que vayan sufriendo modificaciones.