

 Proyecto Cupi2	<b>ISIS-1204 Algorítmica y Programación          Requerimientos Funcionales</b>
Ejercicio:	
Autor:	
Fecha:	

## Listado de Requerimientos

<b>Nombre</b>	R1 - Agregar Cadena
<b>Resumen</b>	Agrega una cadena de ADN al procesador, leyendo su información a partir de un archivo de texto. Las cadenas se encuentran ordenadas según el número de bases nitrogenadas que tienen.
<b>Entradas</b>	
El archivo que contiene la secuencia de bases nitrogenadas	
<b>Resultados</b>	
Se agregó la cadena leída del archivo al procesador de ADN	

<b>Nombre</b>	R2 - Eliminar Cadena
<b>Resumen</b>	Se elimina una cadena de ADN y todas sus bases nitrogenadas
<b>Entradas</b>	
La cadena que se va a eliminar	
<b>Resultados</b>	
Se eliminó la cadena indicada	

<b>Nombre</b>	R3 - Alargar Cadena
<b>Resumen</b>	Se extiende la cadena original agregando las bases de otra cadena.
<b>Entradas</b>	
La cadena original que se va a alargar	
La cadena cuyas bases se van a agregar a la cadena.	
<b>Resultados</b>	
La cadena original se alargó con la nueva secuencia de bases nitrogenadas	

<b>Nombre</b>	R4 - Corregir Mutación
<b>Resumen</b>	A partir de una cadena con mutaciones y de la información sobre la mutación, se construye una cadena nueva donde las secuencias mutadas fueron reemplazadas por secuencias corregidas.
<b>Entradas</b>	
La cadena con mutaciones.	
La secuencia de bases que se sabe que es una mutación.	
La secuencia de bases que deben reemplazar cada secuencia de la secuencia mutada.	
<b>Resultados</b>	
Se crea una nueva cadena donde las secuencias mutadas fueron reemplazadas por secuencias corregidas.	

<b>Nombre</b>	R5 – Informar cadena coherente.
<b>Resumen</b>	Se informa si la cadena es coherente. Una cadena es coherente si se pueden establecer parejas entre las bases de tal forma que las Adeninas siempre se junten con las Timinas y las Guaninas siempre se junten con las Citosinas.  Las parejas deben realizarse de la siguiente manera: - primera base con la última base - segunda base con la penúltima base - tercera base con la ante-penúltima base  etc...
<b>Entradas</b>	
La cadena a procesar	
<b>Resultados</b>	
Informa si la cadena es coherente.	

<b>Nombre</b>	R6 – Encontrar cadena común más larga
<b>Resumen</b>	Se encuentra la secuencia más larga de bases nitrogenadas que es común en dos cadenas.
<b>Entradas</b>	
La primera cadena	
La segunda cadena	
<b>Resultados</b>	
La secuencia común de bases nitrogenadas más larga entre las dos cadenas.	

<b>Nombre</b>	R7 – Eliminar fragmento
<b>Resumen</b>	Elimina de una cadena el primer fragmento que sea igual a una secuencia dada.
<b>Entradas</b>	
La cadena de la que se eliminará el fragmento	

La secuencia que se debe eliminar

### Resultados

Se eliminó de la cadena el primer fragmento igual a la secuencia dada

<b>Nombre</b>	R8 – salvar una cadena
<b>Resumen</b>	Se salvó una cadena en un archivo de texto
<b>Entradas</b>	
La cadena que se quiere salvar	
El archivo en el que se va a guardar la cadena	
<b>Resultados</b>	
Se salvó la cadena en un archivo.	