
PROYECTO 1

201503569 – Angela Paulina Rodriguez López

Resumen

Para realizar un análisis de células de una forma precisa se ha realizado el siguiente programa, como ayuda para el área médica donde se obtendrá un resultado preciso en corto tiempo, implementando un software con un sistema donde se deberá realizar la carga de los datos de las muestras por medio de un archivo tipo .xml, el programa nos permite obtener el resultado con un archivo de salida de tipo .xml, el cual contendrá a cada uno de los pacientes. Dicho analizador se realizó en lenguaje Python, haciendo uso de la programación orientada a objetos (POO) con estructuras de datos (listas) los métodos utilizados se explican más adelante, que es donde se explicó como se hizo el desarrollo de dicho software, y que lógica se implementó para lograr el análisis de una manera correcta, para así lograr cumplir con las expectativas y necesidades del cliente. Siendo esta nueva herramienta de gran relevancia actual para nuestra nación por la crisis de salud que se ha venido observando desde 2019.

Palabras clave

- Lista: estructura utilizada para analizar los objetos
- Ecuación: necesaria para los cálculos utilizados para poder realizar los análisis
- Célula: organismo a analizar
- Estructura de datos: utilizada para la correcta realización de los métodos.

Abstract

To analyze a sample of cell in a precise way, the next software was created to help in medical situations, in which will be obtained accurate results in a short time. Implements a software with a system were having to charge a data base in a file type “.xml”, at same way the software gives an output file type “.xml”. The software was made in language python, implements object-oriented programming (OOP) whit data structures (list) the implemented methos are explained later, that’s the part in were explain how were make the software, the logistic which it dispose to success the expectations and necessities of our client. This new tools is very important in the country because of the medical situation that we have since 2019.

Keywords

- List: structure used to analyze the objects
- Equation: necessary for the calculations used to perform the analyzes
- Cell: organism to be analyzed
- Data structure: used for the correct realization of the methods.

Introducción

El programa, está enfocado en el análisis de células, en el cual se cargara un archivo tipo “.xml” el cual contendrá las células infectadas, las cuales posteriormente podrán ser analizadas, según la opción que el usuario elija. Pero ¿Cuál es la importancia de un analizador de células?, esto lo estaremos desarrollando a continuación.

Desarrollo del tema

En la actualidad el avance tecnológico ha sido de mucha ayuda para el área medica, donde con ayuda de distintos softwares se logran hacer análisis de una manera rápida y precisa, es por eso que ahora se presenta este software el cual será de ayuda para quienes tengan la necesidad de hacer un análisis de células que poseen alguna infección.

El desarrollo de dicho software se realizó en lenguaje Python, para ello se hizo la implementación de estructuras de datos (EDD) en específico se hizo uso de listas simples. El código este compuesto por 8 clases las cuales son las siguientes: menú, paciente, muestra, nodoPaciente, nodoMuestra, arejilla, listaPaciente, listaMuestra, las cuales podemos observar con más claridad en el diagrama de clases ubicado en los anexos.

El problema que el cliente nos planteo fue el siguiente en resumidas palabras: se debe realizar el análisis de una muestra la cual esta almacenada en un archivo tipo xml, del cual se debe de extraer dicha información para así poder analizar cada una de las células vecinas, tanto las que están arriba, abajo, a la izquierda, a la derecha como las que están de manera diagonal en los 4 sentidos, para luego de obtener el resultado de dicha muestra, poder comparar cada uno de los patrones que genero cada uno de los análisis realizados, siendo así que al encontrar algún patrón que se repita poder diagnosticar a nuestro paciente con los casos de leve, grave, mortal.

Como anteriormente se menciona se hizo uso de listas simples para el desarrollo de dicho programa, el motivo es debido a que al construir nuestros nodos logramos ir recorriendo posición por posición de cada nodo donde se almaceno la información, uno de los beneficios al hacer uso de este tipo de estructura de datos es que el orden de los elementos enlazados es diferente a el orden de almacenamiento en memoria, consiguiendo con ello llegar a nuestro espacio en memoria mas rápido en algunas ocasiones.

Al manejar nuestros datos por medio de listas, nos hicimos valer de una ecuación matemática para poder realizar el análisis siendo esta la siguiente:

$$\text{posición} = \text{fila} * \text{tamaño de la matriz} + \text{columna} \\ (f*m+c).$$

¿Qué es lo que realiza esta ecuación? Esta ecuación lo que realiza es buscar la posición del objeto que

deseamos analizar, por ejemplo si deseamos encontrar un objeto de una matriz de tamaño 10 que está en la posición 89, ya sea para insertar o analizar lo que la ecuación estaría haciendo es lo siguiente nuestro número de fila es 8 lo multiplicara por 10 (tamaño de la matriz) que nos dará como resultado 80 y como lo que queremos es movernos en las posiciones de X(columna) sienta nuestro Y(fila) la parte que estará estática, entonces sumamos el valor de la posición de la columna dando como resultado $80+9=89$, a continuación nuestro programa buscara la posición 89 de nuestra lista empezando desde el primer nodo hasta llegar al número 89 que es donde insertara los datos o analizara los datos deseados, esto si hablamos de las posiciones de arriba, abajo, derecha e izquierda, para las posiciones diagonales nuestra ecuación principal la modificamos para así lograr ubicarnos donde se desea siendo así que la ecuación quedo formulada de la siguiente manera:

$(\text{fila}(+/-)1)*\text{tamaño de la matriz} + (\text{columna}(+-)1)$

ya que esto nos permite tener movimiento tanto en las filas como para las columnas.

Para poder ver el siguiente patrón de la muestra se realizó un método para infectar a las células que por estar cerca de algunas células infectadas se contagiaron para ellos también se realizó la siguiente ecuación:

posición y + posición x por tamaño de la matriz
 $(y+x*m)$.

También se realizó un método para poder sanar las células en él se utilizó la misma lógica anteriormente mencionada donde se buscó si no tenía más de 2 células infectadas vecinas a el siguiente periodo se sanara.

Para verificar las repeticiones que tenemos de la muestra inicial se creó el método verificandoRepeticion en donde lo que hacemos es pedir la 2 veces la muestra, esto es debido a que creamos una variable llamada temp (temporal) la cual almacenara el primer nodo de nuestra muestra inicial y creamos otra variable temp2 la cual tendrá el nodo de la muestra que va corriendo en la lista de las muestras, y lo que decimos es que cuando el primernodo que se encuentra en el temp sea diferente del primer nodo del nos retorna False, y así es como verificamos que el patrón obtenido no es igual a la muestra inicial, al realizar esta acción proseguimos a que valúe el siguiente nodo.

El método procesando lo utilizamos para diagnosticar al paciente, este funciona de la forma en que nos pide una muestra y la muestra en el último periodo siendo así que llamamos la método verificandoRepeticion, donde le mandamos una muestra (esta puede ser la muestra original para verificar si hay algún patrón que se parezca a ella, o puede ser una muestra distinta, en otras palabras algún patrón de los analizados con anterioridad) y la muestra que estamos recorriendo, si se obtiene alguna patrón igual a la muestra entonces nos mostrara el diagnóstico del paciente de lo contrario continuara a la siguiente condición para evaluar si el n patrón se parece al n+1 patrón de

la muestra analizada, si encuentra algún caso así, nos mostrara en pantalla el diagnóstico del paciente. El método insertarmuestra el cual nos pide como parámetro una muestra, es el método que se utiliza para poder insertar los datos de la nueva muestra (es decir la muestra inicial valuada en n periodo) donde lo que hace es ir moviéndose entre nodos.

El método analizar el cual como parámetro nos pide le número de periodos que se pueden analizar de la muestra, nos ayuda a analizar la muestra que el usuario nos brinda de modo que almacena en un nodo la información obtenida, por medio de una condición obtenemos el estado de la célula que se ubica en el nodo que estamos analizando en el momento y si el estado del nodo es enferma y cumple con las condiciones para seguir enferma, llamara al método enfermandocelulas el cual se encargara de ubicar (en nuestro caso darnos la posición exacta) las células infectadas, y también procederá a realizar la misma lógica para saber si la célula debe de seguir enferma.

El método enfermando células, es uno de los métodos donde utilizaremos las ecuaciones mencionadas anteriormente, en el podemos ver que se van colocando las células infectadas o enfermas en las ubicaciones aledañas a la célula que provoca dicha infección, para ellos recorreremos con un ciclo for las posiciones que hemos obtenido, para así ir posicionando una por una las nuevas células enfermas.

Para poder posicionar nuestra muestra principal también hemos creado el método insertar el cual nos pide los datos de un paciente, siendo así que se mueve de nodo en nodo para poder ir colocando cada célula en su posición correspondiente.

Para poder mostrar la muestra inicial hacemos uso del método mostrarLista, el cual va recorriendo la lista que hemos cargado anteriormente con el método insertar y la va imprimiendo nodo por nodo, ya sea que la célula este o no infectada.

Para poder cargar los pacientes se creó el método cargarpacientes en él se pide la ruta del archivo que contiene dichos datos, siendo así que nos ayudamos de la librería **xml.etree.ElementTree**, siendo así que vamos a ir leyendo etiqueta por etiqueta del archivo cargando e ir almacenando lo datos en variables que hemos declarado con anterioridad, habiendo logrado lo cargar los datos, ahora ya los podremos utilizar para analizar las muestras.

Para poder crear el archivo de resultado o diagnostico también hemos creado un método, el cual llamamos resultado donde lo que hacemos es valernos siempre de la librería:

xml.etree.ElementTree

para la escritura de dicho archivo sienta esta donde vamos recorriendo cada uno de los datos que tenemos en nuestra base de datos, en los cuales ya tenemos almacenados los resultados de las muestras, con ayuda de la librería **xml.dom** se le da formato al documento xml.

Para poder mostrar o en otras palabras dibujar la matriz de células nos hemos valido del a ayuda del método mostrarCelula, en el cual pedimos como parámetro la dimensión de la matriz, creamos dos tipos de contadores, un temporal que obtiene el primer nodo de la lista (es el que contiene la información de la célula en la posición que vamos a ir recorriendo) y una variable a la cual llamamos dibujo a la cual le iremos asignando dependiendo de si está o no infectada el dibujo correspondiente siendo así que si nuestra célula no está infectada se nos mostrara en pantalla la siguiente imagen:

|| ||

y si está infectada se mostrara de la siguiente manera:

||x||

En la sección del menú hemos definido dos métodos los cuales son el menú principal el cual contiene el menú que se mostrara en pantalla, permitiéndonos así tener las opciones de cargar el archivo, los análisis, la generación del archivo y salir del programa, todo esto lo realizamos con la ayuda de un ciclo while, de igual manera nuestro submenú.

Para el menuPaciente (submenú del menú principal) se hizo la llamada a otros métodos ubicados en otras clases esto con la finalidad de poder encontrar al paciente, también poder realizar los análisis de los pacientes y la creación del archivo de salida, en este método se realizaron las operaciones necesarias con el ciclo if y while para el correcto manejo de los datos.

Con cada uno de los métodos que se trabajan en la aplicación creada, se busca de la manera mas optima poder realizar los cálculos y las acciones pertinentes para obtener el mejor resultado con cada una de las muestras que el usuario desee valuar, siendo que le brindamos una de las herramientas mas precisas para dicho tipo de análisis.

Se busco la manera de como el usuario tuviera una forma amigable de poder interactuar con la aplicación, tanto fácil de entender el mecanismo de la aplicación como el obtener la información de una manera ordenada.

Anexos

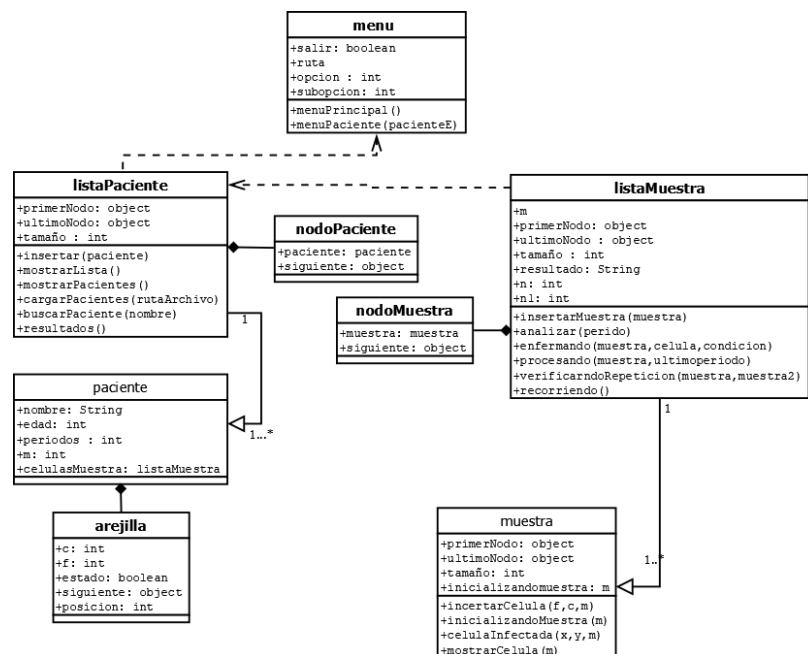


Figura 1. Diagrama de clases.

Fuente: elaboración propia.

Conclusiones

La tecnología es muy importante para ayuda de la medicina.

Las matemáticas siempre son de importancia para poder realizar análisis.

Las estructuras de datos son muy importantes al momento de realizar un programa.

El manejo de objetos es de suma importancia para el manejo de listas, así como la abstracción que conlleva la realización de las mismas.