



# Proyecto Pangea

Equipo

Ramírez Serrano Luis Enrique

Salazar Medina Diana Fernanda

Cázares Rodríguez Jesús Antonio

Vélez Santiago Jesús

## Historial de versiones

Fecha (dd/mm/aa)	Versión #.#	Descripción	Realizado por
16/09/18	0.5	Versión inicial.	Diana, Luis.
21/09/18	1.0	Requisitos detallados.	Todos.

# Índice

Página

<b>1.-Introducción .....</b>	<b>2</b>
<b>1.1.-Objetivos .....</b>	<b>2</b>
<b>2.-Especificación de requisitos .....</b>	<b>2</b>
<b>2.1.-Requisitos funcionales .....</b>	<b>2</b>
<b>2.2.-Requisitos no funcionales.....</b>	<b>4</b>
<b>3.- Definiciones, acrónimos y abreviaturas.....</b>	<b>5</b>
<b>4.- Referencias.....</b>	<b>5</b>

# Especificación de requisitos

## 1. Introducción

Nuestra cliente, Laura Gómez, investigadora del Centro de Ciencias Genómicas, estudia las variantes genómicas humanas; en especial le interesa conocer las frecuencia de éstas en diferentes poblaciones alrededor del mundo. Laura posee los datos recabados con el proyecto de los 1000 genomas[1] y de la base de datos dbSNP[2].

### 1.1. Objetivos:

El objetivo de éste proyecto es crear una herramienta para nuestra cliente y su grupo de investigación que despliegue de forma amigable datos genómicos y frecuencias de poblaciones a partir de una lista de variantes de interés o de una región genómica particular.

Nombre del proyecto: Proyecto PANGEA.

## 2. Descripción de requisitos

A continuación se muestra la lista de requisitos obtenida con base en la entrevista realizada con el cliente:

### 2.1 Requisitos funcionales:

RF-#	Requisito	Importancia
1	Búsqueda de información	Alta
2	Fabricar página web	Alta
3	Buscador para autocomplementar las búsquedas de rs's	Alta
4	Manual de usuario	Alta
5	Link de los rs's a su página de NCBI	Alta
6	Sistema de usuarios con capacidad de cambiar las contraseñas	Media
7	Permisos de administrador a Laura para agregar frecuencias	Media
8	Funcional en todos los navegadores	Baja

A continuación se muestran los detalles de cada requisito funcional:

RF-1: Búsqueda de información:

I. Input:

- A. Un solo rs por medio del buscador.
- B. Lista de rs's en un archivo de texto plano.
- C. Cromosoma o región cromosómica.

- II. Descripción: El usuario podrá realizar las búsquedas de las tres maneras descritas anteriormente por medio de la interfaz web, y el sistema desplegará los resultados con los campos que se describen a continuación.
- III. Output. los inputs solicitados para cada tipo de búsqueda son:
  - A. Para RS:
    - Opción #1:
      - a) Cromosoma
      - b) Posición de inicio y final
      - c) Cadena (+/-)
      - d) Alelo de referencia
      - e) Tipo de rs
      - f) Tiene que ser de ambas bases de datos
      - g) Alelo alternativo toma de una sola base de datos
    - Opción #2:
      - h) Frecuencias poblacionales para cada alelo
    - Opción #3:
      - i) Ambas
  - B. Para cromosomas:
    - 1. Una lista de rs's dentro de esa región.
- IV. Comentarios:
  - A. Si un rs no tiene asignada alguna frecuencia alélica, se asignará "NA"

RF-2: Fabricar página web.

- I. Descripción: Generar vistas de la interfaz web y sus respectivas relaciones entre sí, la cual establecerá una conexión con una base de datos para obtener los resultados de búsqueda de información establecidos en RF-1 de forma amigable con el usuario.

RF-3: Buscador para autocomplementar las búsquedas de rs's.

- I. Descripción: la herramienta contendrá un buscador para consultar la base de datos, donde se podrá realizar búsquedas por rs, lista de rs's (en un archivo), por región genómica o cromosoma. Cuando se busque por rs, el buscador tendrá que autocompletar la búsqueda exclusivamente para el caso de los rs's.

RF-4: Manual de usuario.

- I. Descripción: se debe desarrollar un manual de usuario donde se especifiquen todas las funciones de la interfaz web, así como explicar que contiene cada página y cómo hacer una búsqueda de una forma sencilla y amigable.

RF-5: Link de los rs's a su página de NCBI.

- I. Descripción: todos los rs's arrojados por la herramienta contendrán un link a su respectiva página de NCBI.

RF-6: Sistema de usuarios con capacidad de cambiar las contraseñas.

- I. Descripción: Se darán de alta 5 usuarios, correspondientes al grupo de investigación de nuestra cliente, y se les darán sus respectivas contraseñas para acceder a la página. Contarán con la opción de cambiar su contraseña.

RF-7: Permisos de administrador a nuestra cliente para agregar frecuencias.

- I. Descripción: Únicamente nuestra cliente tendrá permiso de modificar el contenido de la base de datos para agregar frecuencias alélicas a los rs's ya existentes.

RF-8: Ser funcional en todos los navegadores.

- I. Descripción: La página tiene que ser visible en los siguientes navegadores: Google Chrome, Mozilla Firefox y Safari.

## 2.2 Requisitos No Funcionales

RNF-#	Requisito	Importancia
1	Inclusión sólo de cromosomas 21, 17, 9 y 5.	Alta
2	Software documentado.	Alta
3	Manual de usuario en todas las páginas.	Alta
4	Página de Inicio.	Media
5	Interfaz en español, documentacion y software en inglés o español.	Baja

RNF-1: Inclusión sólo de cromosomas 21,17,9, 5.

- I. Descripción: Si bien se unirá la información de ambas plataformas, nuestra cliente expresó que sólo requerirá de la base de datos de dbSNP la información correspondiente a los cromosomas 21, 17, 9 y 5, mientras que el otro archivo (1000GP) se conversaba tal y como está.

RNF-2: Software documentado.

- I. Descripción: Todos los códigos que se generen tendrán que estar documentados, el equipo acordó que ésta se haría en inglés.

RNF-3: Manual de usuario en todas las páginas.

- I. Descripción: todas las páginas desplegadas por nuestra herramienta deberán tener un link al manual de usuario.

RNF-4: Página de Inicio.

- I. Descripción: la herramienta web tendrá una página de inicio, desde donde los usuarios introducirán su contraseña y su nombre.

RNF-5: Interfaz en español, documentacion y software en inglés o español.

### 3. Definiciones, acrónimos y abreviaturas

RS: Un número de identificación de SNP de referencia, o ID de "rs", es una etiqueta de identificación asignada por NCBI a un grupo (o cluster) de SNP que se asignan a una ubicación idéntica [3].

Frecuencia alélica: proporción que se observa de un alelo específico respecto al conjunto de los que pueden ocupar un locus determinado en la población.

1000G: Proyecto de los 1000 genomas.

Software: es un término genérico que se refiere a una colección de datos o instrucciones de la computadora que le dicen a la computadora cómo trabajar.

RF: Requisito funcional.

RNF: Requisito no funcional.

### 4. Referencias bibliográficas

[1] 1000 Genomes Project Consortium. A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 467, 1061–1073 (2010).

[2] [http://bioq.saclab.net/query/submit.php?db=bioq\\_dbsnp\\_human\\_138](http://bioq.saclab.net/query/submit.php?db=bioq_dbsnp_human_138)

[3] SNP FAQ Archive [Internet]. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US); 2005-. Clustered RefSNPs (rs) and Other Data Computed in House. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK44417/>