

AbEst

Estimación de abundancia

MANUAL DE USUARIO Y ADMINISTRADOR

[Descripción](#)

[Disponibilidad](#)

[Cuentas de usuario](#)

[Registro](#)

[Acceso](#)

[Archivos](#)

[Lista de archivos](#)

[Subir archivos](#)

[Descargar archivos](#)

[Modificar archivos](#)

[Borrar archivos](#)

[Procesos](#)

[Lista de procesos](#)

[Detalles de procesos](#)

[Herramientas](#)

[Estimación de abundancia](#)

[Mapeo](#)

[Single end](#)

[Paired end](#)

[Administrador](#)

[Acceso del Administrador](#)

[Administrador de perfiles](#)

[Eliminar perfiles](#)

[Crear perfiles](#)

[Administrador de archivos](#)

[Eliminar archivos](#)

[Crear archivos](#)

[Licencia](#)

Descripción

AbEst facilita el proceso de realizar **estimación de abundancia** en un análisis RNA-Seq principalmente a los investigadores no relacionados con el área de informática brindando una interfaz amigable orientada a la web, para el uso de herramientas que solo están disponibles a través de línea de comandos.

Disponibilidad

El software se encuentra disponible al público en un servidor de prueba; este servidor está instalado y funcionando en:

<http://www.bioinfud.com/AbEst>.

Datos de prueba:

http://www.bioinfud.com/AbEst/test_data

Cuentas de usuario

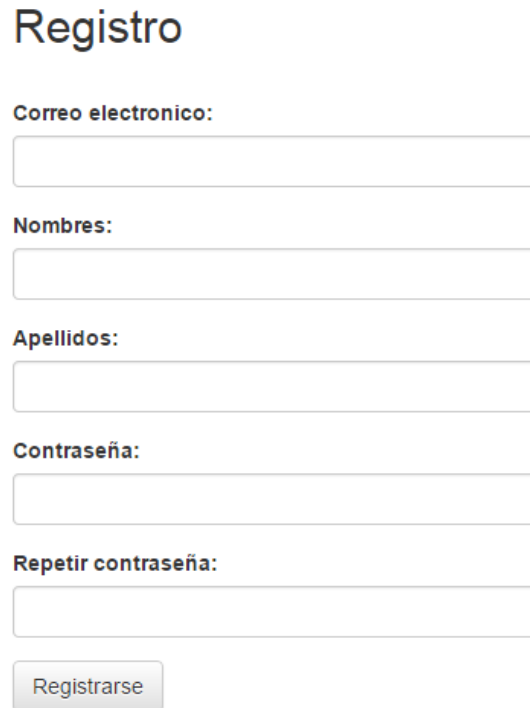
El software cuenta con la gestión de cuentas de usuario, donde cada usuario tiene la posibilidad de registrarse para hacer uso de las herramientas disponibles, además de la administración de los archivos y procesos creados por el usuario.

Registro



Figura 1. Enlace de registro de usuarios.

Al ingresar por medio del navegador a la dirección donde se tiene instalado *AbEst*, se desplegará la página principal donde se podrá acceder al software. Para registrarse se debe hacer click en el boton llamado “Registrarse” que se ubica en la parte superior izquierda de la pagina, al hacer click en este boton se desplegará un formulario el cual debe llenarse y finalmente se debe hacer click en el boton llamado “registrarse” al final del formulario.



The image shows a web form titled "Registro" in a large, bold, dark blue font. Below the title, there are five input fields, each preceded by a label in bold black text: "Correo electronico:", "Nombres:", "Apellidos:", "Contraseña:", and "Repetir contraseña:". Each label is followed by a rectangular text input box. At the bottom of the form, there is a button with a light gray gradient and rounded corners, labeled "Registrarse" in a standard black font.

Figura 2. Formulario de registro de *AbEst*.

Si el registro fue exitoso, aparecerá un mensaje diciendo “Se ha registrado satisfactoriamente”, de lo contrario el software mostrará un mensaje de error.

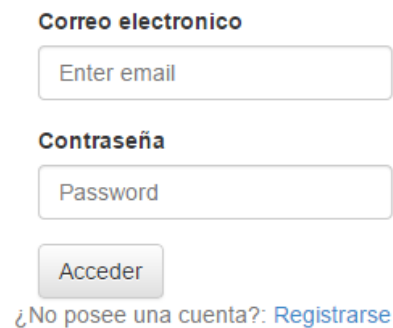
Acceso



The screenshot shows the top navigation bar of the AbEst website. It contains the text 'AbEst', a link 'Registrarse', and a link 'Acceder' which is highlighted with a red rectangular box. Below the navigation bar, on the left, is a sidebar with two links: 'Estimación de abundancia' and 'Bowtie'. The main content area features the 'AbEst' logo in a large font, followed by a paragraph describing the tool's purpose: 'AbEst facilita el proceso de realizar estimación de abundancia en un análisis RNA-Seq principalmente a los investigadores no relacionados con el área de informática brindando una interfaz amigable orientada a la web para el uso de herramientas que solo están disponibles para uso a través de línea de comandos.'

Figura 3. Enlace de acceso de usuario

Si usted ya se encuentra registrado en el software, deberá ir a la parte superior izquierda y hacer click en el boton “Acceder”; se desplegará un formulario solicitando su usuario y contraseña.



The screenshot displays the login form on the AbEst website. It consists of three main input fields: 'Correo electronico' (Email) with the placeholder text 'Enter email', 'Contraseña' (Password) with the placeholder text 'Password', and an 'Acceder' (Login) button. Below these fields, there is a link that reads '¿No posee una cuenta?: [Registrarse](#)'.

Figura 4. Formulario de acceso de *AbEst*.

Archivos

Las cuentas de usuario permite la administración de archivos propios, los cuales se pueden subir, ver, descargar, modificar y eliminar. A continuación se describen los pasos para llevar a cabo las actividades nombradas.

Lista de archivos



Figura 5. Enlace a archivos de usuario

Para listar un archivo se debe hacer clic en el boton llamado “Mis archivos” ubicado en la barra superior a la izquierda, al hacer clic en ese boton, el software desplegará la lista de archivos pertenecientes a la cuenta de usuario; si el usuario no posee archivos, dicha lista estará vacía.

Lista de archivos








 ./operario.j	 Editar  Borrar  Descargar
 ./ecoli_M2eDPsw.fa	 Editar  Borrar  Descargar
 ./output_1_2.fastq	 Editar  Borrar  Descargar

Figura 6. Lista de archivos del usuario.

Subir archivos



Figura 7. Enlace de subida de archivos

Para subir un archivo se debe acceder a la lista de archivos, en la cual se encontrará un boton llamado “Subir archivos”; al hacer clic en ese boton, el software desplegará un formulario con los datos necesarios para subir un nuevo archivo.

Subir Archivo

Descripción del archivo:

Archivo:

 Ningún archivo seleccionado

Figura 8. Formulario para subir archivos.

Este formulario cuenta con dos campos, el primero es un campo de texto donde se inserta una descripción única del archivo, el segundo es un campo de archivo el cual permite seleccionar un archivo del computador, al llenar ambos campos se debe hacer clic en el boton llamado “Subir” al final del formulario. Si el proceso de subida fue exitoso se desplegará un mensaje diciendo “El archivo se ha guardado satisfactoriamente.”, de otra forma aparecerá un mensaje de error.

Descargar archivos

Para descargar un archivo se debe acceder a la lista de archivos. A la derecha de cada archivo se encontrarán unas opciones, dentro de las cuales habrá un boton llamado “descargar”, al hacer clic en el boton se iniciará la descarga del archivo.



Figura 9. Opciones de un archivo.

Modificar archivos

Para modificar un archivo se debe acceder a la lista de archivos. A la derecha de cada archivo se encontrarán unas opciones, dentro de las cuales habrá un boton llamado “Editar”, al hacer clic en el boton se desplegará un formulario para editar la descripción del archivo.

Editar archivo

Descripción:

Enviar

Figura 10. Formulario de edición de un archivo.

Al llenar el formulario se debe hacer clic en el boton llamado “enviar” ubicado al final del formulario. Si el archivo se elimina correctamente aparecerá un aviso diciendo “El archivo se ha eliminado satisfactoriamente”, de lo contrario aparecerá un error.

Borrar archivos

Para eliminar un archivo se debe acceder a la lista de archivos. A la derecha de cada archivo se encontrarán unas opciones, dentro de las cuales habrá un boton llamado “borrar”, al hacer clic en el boton se iniciará la eliminación del archivo. Si el proceso fue exitoso aparecerá un mensaje diciendo “Se ha eliminado el archivo satisfactoriamente.” de lo contrario aparecerá un mensaje de error.

Procesos

Ademas de la administración de archivos, las cuentas de usuario permiten la visualización de procesos, donde un proceso es la ejecución de cada una de las herramientas del software.

Lista de procesos



Figura 11. Enlace a procesos de usuario.

Para listar los procesos se necesita haber accedido a una cuenta de usuario, luego se debe hacer clic en el boton llamado “Lista de procesos” ubicado en la barra superior a la izquierda, al hacer clic en ese boton, el software desplegar una lista de procesos pertenecientes a la cuenta de usuario con el comando ejecutado y el estado del proceso, si el usuario no posee procesos, dicha lista estara vacía.

Lista de procesos

A continuacion se listan los procesos que ha corrido en el sistema

Comando	Estado	Ver
bowtie-build /home/null3d/Git_repos/expdiff-ud/files/ecoli.fa /ho	Terminado con errores	Ver
bowtie -a -S -p 1 /home/null3d/Git_repos/expdiff-ud/files/ecoli	Terminado con errores	Ver
samtools view -bS /tmp/tmp_399589.sam -o /tmp/Experimento_1.bam	Terminado con errores	Ver
bowtie-build /root/Config/Test_Software/abundance-estimation-ud/f	Terminado exitosamente	Ver
bowtie-build /root/Config/Test_Software/abundance-estimation-ud/f	Terminado exitosamente	Ver
bowtie -a -S -p 1 /root/Config/Test_Software/abundance-estimatio	Terminado exitosamente	Ver
samtools view -bS /tmp/tmp_293073.sam -o /tmp/Experimento_3.bam	Terminado exitosamente	Ver

Figura 12. Lista de procesos de usuario.

Detalles de procesos

Para ver los detalles de un archivo se debe acceder a la lista de archivos. A la derecha de cada archivo se encontrará un enlace llamado “ver”, al hacer clic en el enlace se desplegará un informe con los datos y el estado del proceso.

Comando:

```
bowtie-build /root/Config/Test_Software/abundance-estimation-ud/files/ecoli.fa /root/Config/Test_Software/abundance-estimation-ud/files/ecoli
```

Estado:

Terminado exitosamente

Standard Error

Standard Output

```
Settings:
Output files: "/root/Config/Test_Software/abundance-estimation-ud/files/ecoli.*.ebwt"
Line rate: 6 (line is 64 bytes)
Lines per side: 1 (side is 64 bytes)
Offset rate: 5 (one in 32)
FTable chars: 10
Strings: unpacked
```

Figura 13. Detalles del proceso de usuario.

Herramientas



Figura 14. Herramientas disponibles

El software cuenta con dos herramientas principales: Estimación de abundancia y Mapeo. Estas herramientas pueden ser utilizadas desde la página principal del software, las cuales están ubicadas en un menú en la parte izquierda superior.

Mapeo

Esta herramienta alinea las lecturas ya sea a un genoma de referencia o al transcriptoma ensamblado. El mapeo se hace por medio de una herramienta llamada Bowtie la cual permite procesamiento de archivos “single end” y “paired end”. al inicio del formulario se debe escoger que tipo de procesamiento se desea.

Single end

The image shows the 'Bowtie' section of the web interface. It has a title 'Bowtie' in a large font. Below the title, there is a section titled 'Tipo de archivos:' with two radio button options: 'Single end' (which is selected) and 'Paired end'. Below this, there is a section titled 'Archivo de referencia:' with a dropdown menu that currently shows 'seleccione un archivo'. Below that, there is a section titled 'Archivo de lecturas:' with a text input field. At the bottom of the form, there is a button labeled 'Enviar'.

Figura 15. Formulario para el proceso de Mapeo single end.

Este formulario cuenta con 2 o más entradas. En la primera entrada se debe escoger un archivo de formato .fa o .fasta correspondiente al archivo de referencia. Para la segunda entrada se pueden escoger uno o más archivos correspondientes a lecturas single end de formato .fastq o .fq, finalmente se debe hacer clic en el botón llamado “Enviar”.

Al finalizar el proceso, se tendrá como resultado un archivo de extensión .bam el cual podrá ser visualizado en la lista de archivos del usuario. A continuación se muestra cómo se ve un archivo de este tipo en un visualizador.

Paired end

Bowtie

Tipo de archivos:

- ☐ Single end
☒ Paired end

Archivo de referencia:

Archivo de lecturas izquierdas:

Archivo de lecturas derechas:

Enviar

Figura 16. Formulario para el proceso de Mapeo paired end.

Este formulario cuenta con 3 entradas. En la primera entrada se debe escoger un archivo de formato .fa o .fasta correspondiente al archivo de referencia. Para la segunda entrada se pueden escoger uno o más archivos correspondientes a lecturas izquierdas, y para la tercera entrada se pueden escoger uno o más archivos correspondientes a lecturas derechas de formato .fastq o .fq. Finalmente se debe hacer clic en el botón llamado “Enviar”.

Al finalizar el proceso, se tendrá como resultado un archivo de extensión .bam el cual podrá ser visualizado en la lista de archivos del usuario.

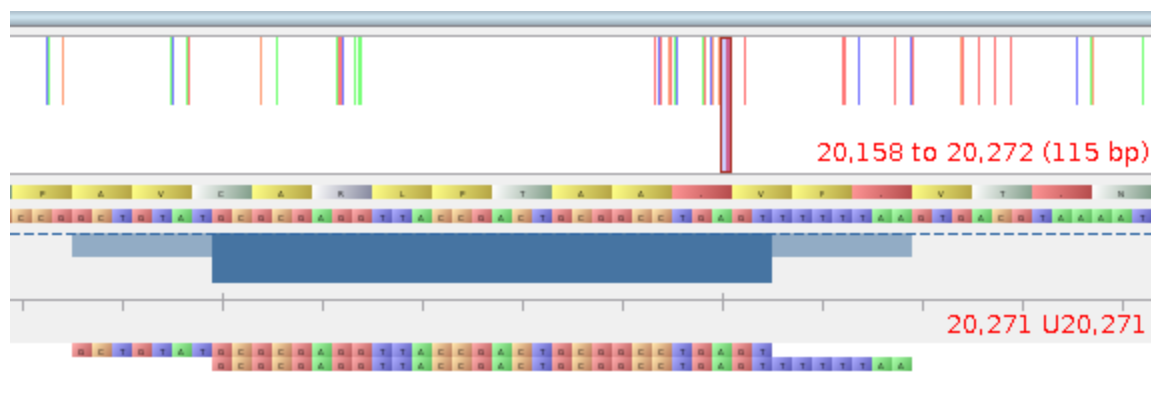


Figura 17. Archivo conteniendo alineamientos hallados.

Estimación de abundancia

La Estimación de la abundancia es el proceso de determinar la cantidad de lecturas RNA-Seq o fragmentos que se derivaron de los transcritos, dando como resultado “qué tan común” es una secuencia biológica en una muestra.

Estimación de abundancia

Archivo de referencia:

seleccione un archivo ▼

Archivo SAM:

seleccione un archivo ▼

Send

Figura 18. Formulario para el proceso de Estimación de abundancia.

Este formulario cuenta con 2 entradas, el primero es un archivo de extensión .fa o .fasta correspondiente a un archivo de referencia. El segundo es un archivo de extensión .sam o .bam correspondiente al archivo a analizar. Finalmente se debe hacer clic en el botón llamado “Enviar”.

Al finalizar el proceso, se tendrá como resultado dos archivos de extensión .xprs, uno llamado results correspondiente a las abundancias objetivo y otros resultados obtenidos basados en las secuencias de entrada y en los alineamientos de las lecturas y otro llamado params correspondiente a otros parámetros estimados por eXpress el cual podrá ser visualizado en la lista de archivos del usuario.

	A	B	C	D	E	F	G	H	
1	bundle_id	target_id	length	eff_length	tot_counts	uniq_counts	est_counts	eff_counts	
2		1 U00096.2	4639675	4639376.134022	2421	2421	2421.000000	2421.155959	
3									

Figura 19. Archivo params.xprs

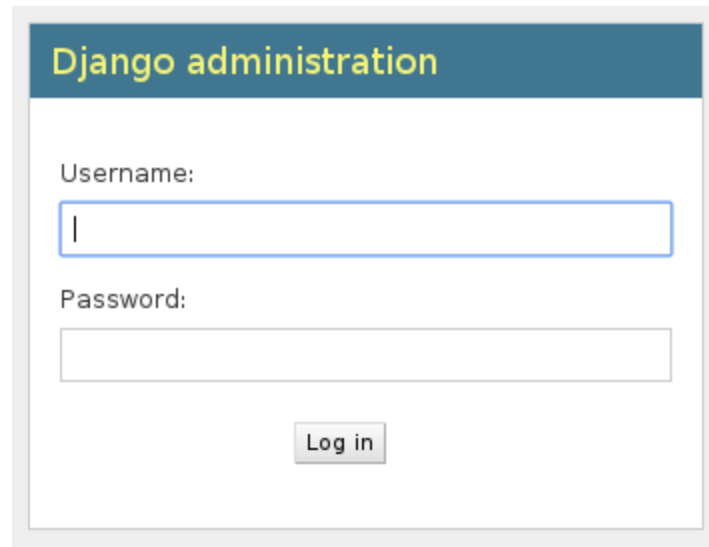
>Fragment Length Distribution (0-800)						
6.429927e-11	6.633514e-11	6.842478e-11	7.056921e-11	7.276948e-11	7.502663e-11	7.734171e-11
>First Read Mismatch						
	AA->*A	AA->*C	AA->*G	AA->*T	AC->*A	AC->*C
1:	9.969485e-01	1.455049e-06	3.048591e-03	1.455049e-06	9.567396e-05	9.997130e-01
2:	9.999877e-01	4.097944e-06	4.097944e-06	4.097944e-06	5.894471e-06	9.999823e-01
3:	9.999904e-01	3.215781e-06	3.215781e-06	3.215781e-06	4.919057e-06	9.999852e-01
4:	9.976147e-01	3.215985e-06	2.378866e-03	3.215985e-06	4.560323e-06	9.999863e-01
5:	9.999897e-01	3.433454e-06	3.433454e-06	3.433454e-06	5.650350e-06	9.999830e-01
6:	9.999896e-01	3.452724e-06	3.452724e-06	3.452724e-06	5.739075e-06	9.999828e-01
7:	9.999886e-01	3.806485e-06	3.806485e-06	3.806485e-06	4.736180e-06	9.999858e-01
8:	9.999886e-01	3.798285e-06	3.798285e-06	3.798285e-06	5.956594e-06	9.999821e-01
9:	9.999882e-01	3.938342e-06	3.938342e-06	3.938342e-06	6.790806e-06	9.999796e-01
10:	9.999869e-01	4.376861e-06	4.376861e-06	4.376861e-06	4.790346e-06	9.999856e-01
11:	9.999894e-01	3.541542e-06	3.541542e-06	3.541542e-06	4.640275e-06	9.999861e-01
12:	9.999874e-01	4.183796e-06	4.183796e-06	4.183796e-06	4.775581e-06	9.999857e-01

Figura 20. Archivo results.xprs

Administrador

Acceso del Administrador

Para ingresar al administrador se debe acceder por medio del navegador al dominio de acceso del software, seguido de la palabra “admin”, por ejemplo si la URL de acceso es <http://diferentialexpression.com/> entonces la pagina de acceso al administrador se encontrara en <http://diferentialexpression.com/admin>.



Django administration

Username:

Password:

Log in

Figura 21. Formulario de acceso al administrador.

Se deben llenar los datos de acceso con un usuario de rango administrador, después se debe hacer clic en el boton llamado “Log in”, si el acceso es exitoso, el software desplegara la interfaz de administrador.

Processing		
Archivos	+ Añadir	✎ Modificar
Perfiles	+ Añadir	✎ Modificar
Procesos	+ Añadir	✎ Modificar
Procesos de mapeo	+ Añadir	✎ Modificar

Figura 22. Lista de elementos modificables por el administrador.

Una vez dentro del administrador, habrá una lista de elementos que el usuario puede administrar, entre ellos esta Files, Procesos y Profiles.

Administrador de perfiles

una vez dentro del administrador hacemos clic sobre el elemento llamado “Profiles”, a continuación se nos desplegará una lista de perfiles que podemos editar.

Escoja perfil a modificar

Acción:	-----	Ir	seleccionados 0 de 1
<input type="checkbox"/>	Perfil		
<input type="checkbox"/>	correodeprueba@gmail.com		
1 perfil			

Figura 23. Lista de perfiles modificables por el administrador.

Eliminar perfiles

Para eliminar un perfil se debe hacer clic en el checkbox ubicado a la izquierda de cada perfil y luego seleccionar “Eliminar perfiles seleccionados” en la casilla llamada “Accion” ubicada en la parte superior de la lista, a continuación se debe hacer clic en el boton llamado “Ir”.

Escoja perfil a modificar

Acción:	Eliminar Perfiles seleccionado/s	Ir	1 de 1 seleccionado
<input checked="" type="checkbox"/>	Perfil		
<input checked="" type="checkbox"/>	correodeprueba@gmail.com		
1 perfil			

Figura 24. Eliminar perfil

Modificar perfiles

Para modificar un perfil se hace clic sobre el correo electronico perteneciente al usuario que se desea modificar, el software desplegará un formulario con la información del perfil en el cual se modificaran únicamente los datos que se desean cambiar.

Escoja perfil a modificar

Acción:	Eliminar Perfiles seleccionado/s	Ir	1 de 1 seleccionado
<input checked="" type="checkbox"/>	Perfil		
<input checked="" type="checkbox"/>	correodeprueba@gmail.com		
1 perfil			

Figura 25. Formulario de edición de perfiles.

Crear perfiles

Para crear un perfil se debe hacer clic en el boton llamado “Add profile” ubicado en la parte superior derecha, esto nos desplegará la interfaz de creacion de perfiles.

Añadir perfil

User:	<input type="text" value="-----"/> +
Email:	<input type="text"/>
FirstName:	<input type="text"/>
LastName:	<input type="text"/>
<div>Grabar y añadir otro Grabar y continuar editando Grabar</div>	

Figura 26. Formulario de creación de perfiles en el administrador.

Se deben llenar lo campos con los datos del perfil y en la casilla llamada User se selecciona un perfil existente para asociar con el perfil, finalmente se hace clic en el boton llamado “Save” ubicado en la parte inferior derecha.

Administrador de archivos

una vez dentro del administrador hacemos clic sobre el elemento llamado “Files”, a continuación se desplegará la lista de archivos de todos los usuarios.

Select file to change Add file +

Action: **Go** 0 of 7 selected

<input type="checkbox"/>	File
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/Moca_BBD.RSEM.isoforms_07FfqlTVSMoca_Healthy.RSEM.isoforms_g4xJWpk.counts.matrix Description: Salida Abundance_to_Matrix Results. Exp: 2
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/Moca_Healthy.RSEM.isoforms_g4xJWpk.results Description:
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/Moca_BBD.RSEM.isoforms_07FfqlT.results Description:
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/RSEM.isoforms_6gJUfjI.results Description: Salida Experimento 1
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/s_1_2_10k_aQVxKZ0.fq Description: soiuoe
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/s_1_1_10k_2UgF0bZ.fq Description: jhdkjhds
<input type="checkbox"/>	ARCHIVO Location: /root/Config/Test_Software/differential-expresion-ud/files/ecoli_pHkqand.fa Description: jhdkjhds

7 files

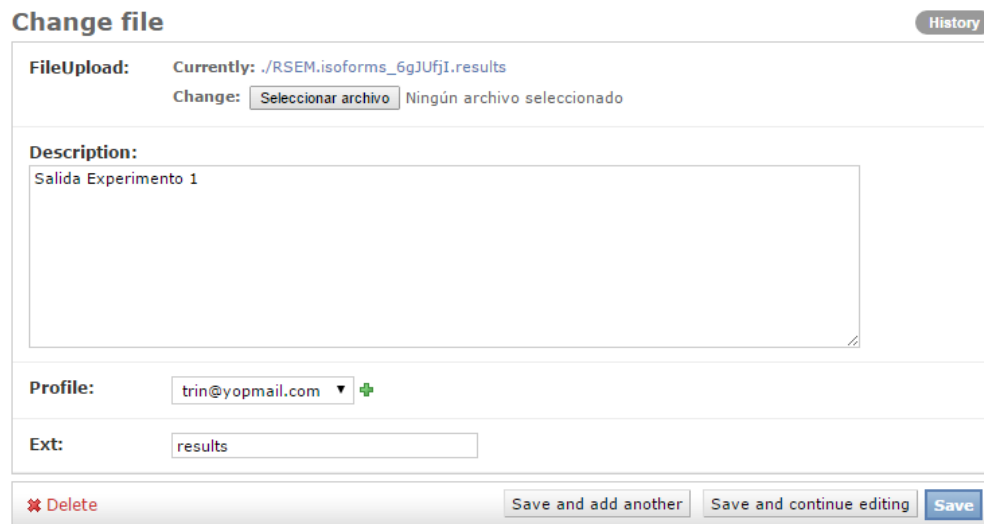
Figura 27. Lista de archivos modificables por el administrador.

Eliminar archivos

Para eliminar un archivo se debe hacer clic en el checkbox ubicado a la izquierda de cada archivo y luego seleccionar “delete selected files” en la casilla llamada “Action” ubicada en la parte superior de la lista, a continuación se debe hacer clic en el botón llamado “Go”.

Modificar archivos

Para modificar un archivo se hace clic sobre la descripción perteneciente al archivo que se desea modificar, el software desplegará un formulario con la información del archivo en el cual se modificaran únicamente los datos que se desean cambiar.



The screenshot shows a web form titled "Change file" with a "History" button in the top right corner. The form is divided into several sections:

- FileUpload:** This section shows the current file path as `./RSEM.isoforms_6gJufjI.results`. Below it, there is a "Change:" label followed by a button labeled "Seleccionar archivo" and the text "Ningún archivo seleccionado".
- Description:** This section contains a text area with the text "Salida Experimento 1".
- Profile:** This section features a dropdown menu currently showing "trin@yopmail.com" with a green plus icon to its right.
- Ext:** This section has a text input field containing the value "results".

At the bottom of the form, there is a row of four buttons: a red "Delete" button with a trash icon, a "Save and add another" button, a "Save and continue editing" button, and a blue "Save" button.

Figura 28. Formulario de edición de archivo.

Crear archivos

Para crear un archivo se debe hacer clic en el botón llamado “Add file” ubicado en la parte superior derecha, esto desplegará la interfaz de creación de archivos.

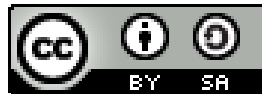
Add file

FileUpload:	<input type="button" value="Seleccionar archivo"/> Ningún archivo seleccionado
Description:	<div></div>
Profile:	<div>----- ▾</div> <input style="color: green;" type="button" value="+"/>
Ext:	<input type="text"/>
<div><input type="button" value="Save and add another"/> <input type="button" value="Save and continue editing"/> <input type="button" value="Save"/></div>	

Figura 29. Formulario de creación de archivo en el administrador.

Se deben llenar los campos con el archivo, la descripción, el perfil asociado y la extensión del archivo, finalmente se hace clic en el botón llamado “Save” ubicado en la parte inferior derecha.

Licencia



Esta obra está bajo una [Licencia Creative Commons Atribución-CompartirIgual 4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).