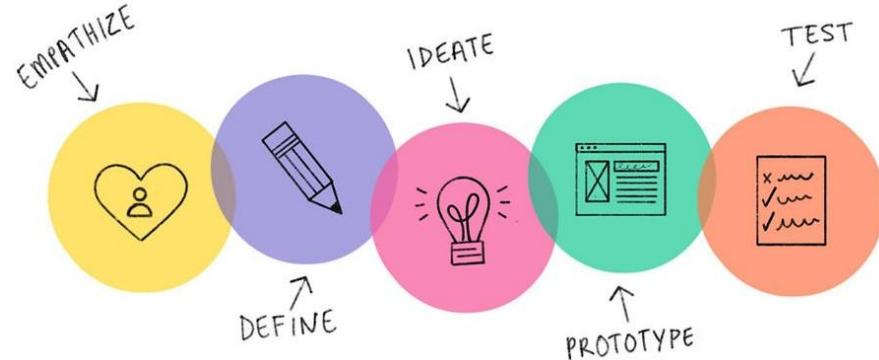


Escuela Técnica Superior de  
**Ingeniería Informática**

## **GESTIÓN TI: GESTIÓN DE PRODUCTOS** Aplicación práctica de Design Thinking

### Grupo 3

Francisco Sebastian Benitez Ruis Diaz  
Daniel Galván Cancio  
Nicolás Herrera Lobo  
Jaime Linares Barrera



# ÍNDICE

01

INTRODUCCIÓN

02

EMPATÍA

03

DEFINIR

04

IDEAR

05

PROTOTIPAR

06

TESTEAR

07

CONCLUSIONES

08

USO DE LA IA

# 01

## INTRODUCCIÓN

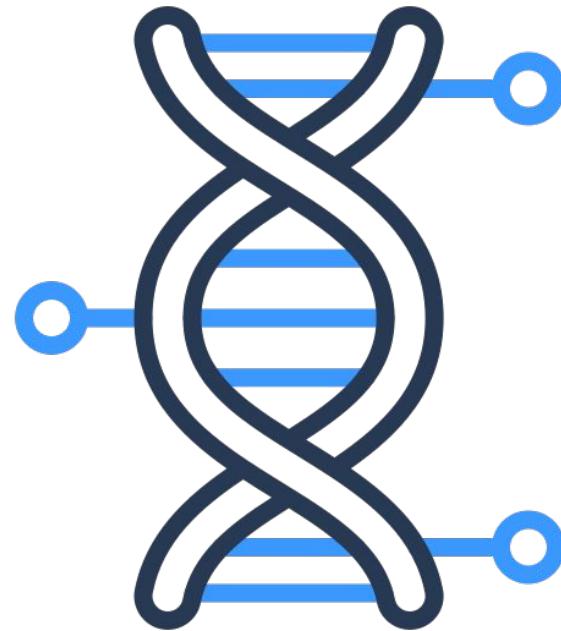


G7Innovation

# 01

## INTRODUCCIÓN

→ PROBLEMA A RESOLVER



# 01

## CUESTIONES A RESOLVER



ESCASEZ GENETISTAS  
COMPLEJIDAD ANÁLISIS  
FALTA INTEROPERABILIDAD

# 01

## CÓMO ABORDAMOS EL PROBLEMA



Búsqueda de  
información



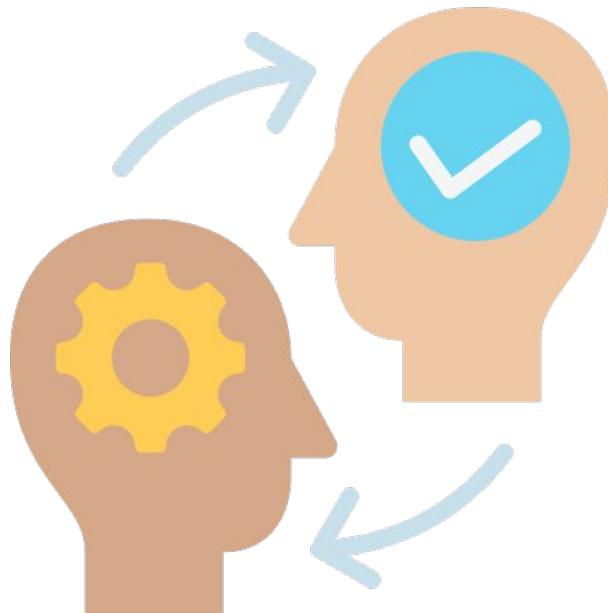
Importancia del  
cliente



Organización de  
ideas

# 02

## FASE 1: EMPATÍA



# 02

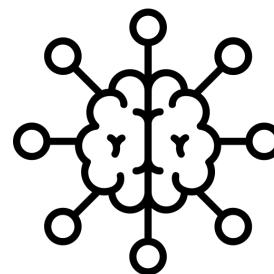
## FASE 1: EMPATÍA - TÉCNICAS A USAR



Los 5 por qués



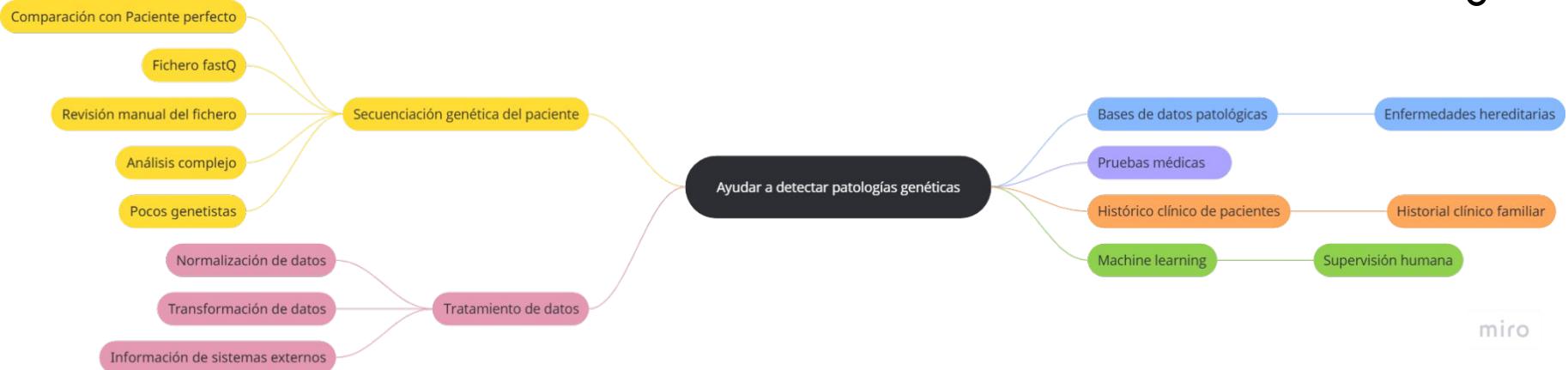
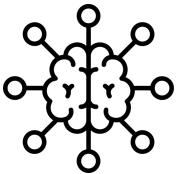
Infografía



Mapa mental

# 02

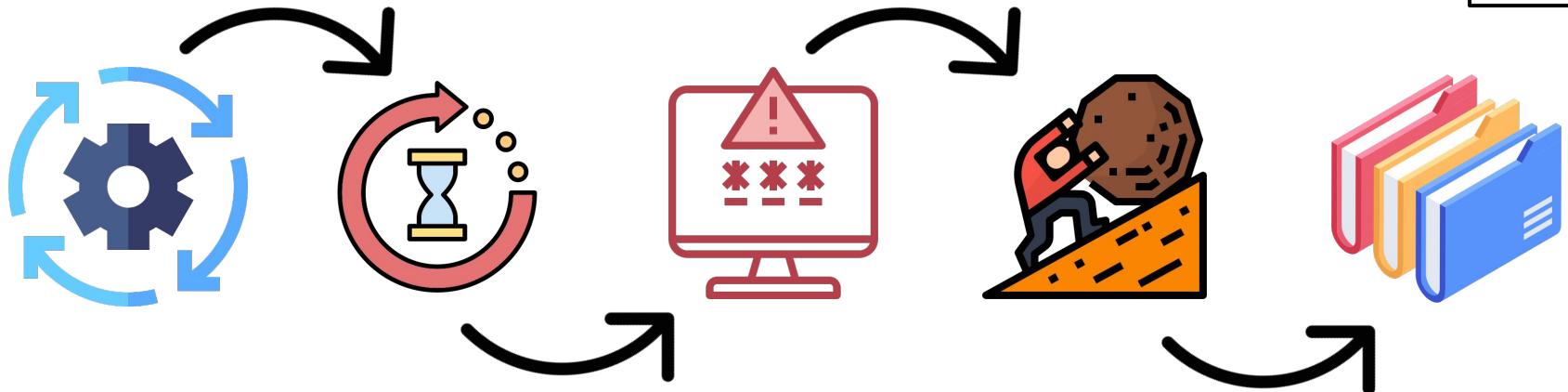
## FASE 1: EMPATÍA - MAPA MENTAL



miro

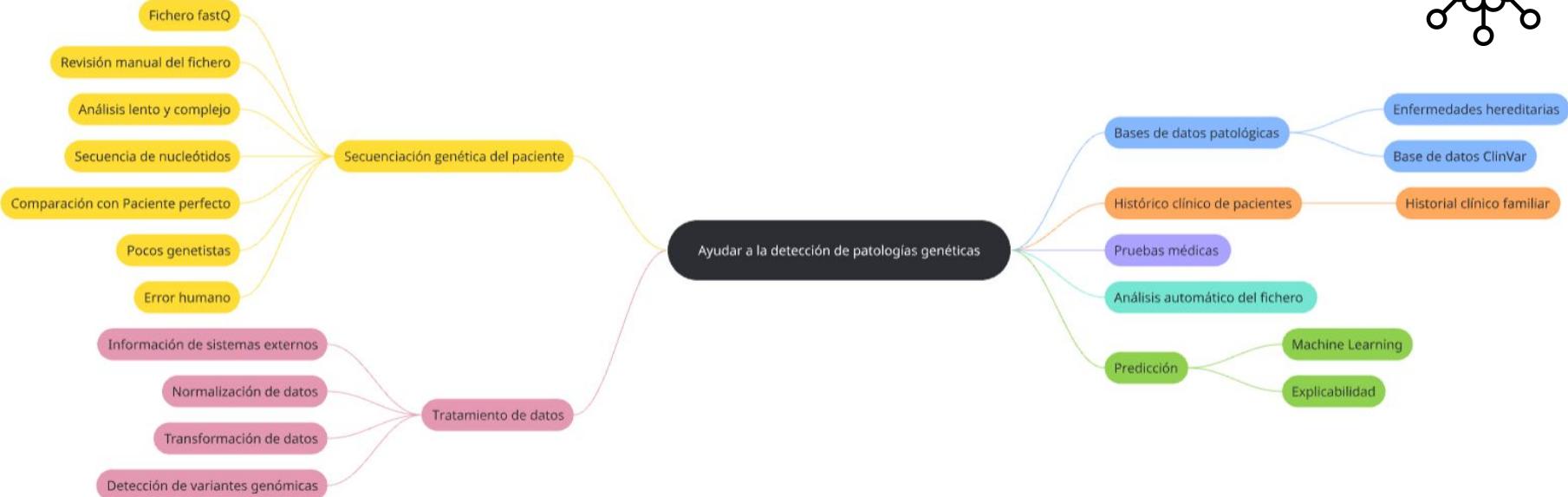
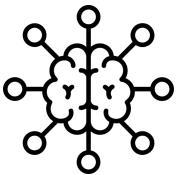
# 02

## FASE 1: EMPATÍA - LOS 5 POR QUÉS



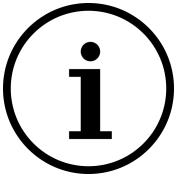
# 02

## FASE 1: EMPATÍA - MAPA MENTAL



# 02

## FASE 1: EMPATÍA - INFOGRAFÍA



### El Reto del Diagnóstico Genético

El análisis manual de datos genéticos para detectar patologías es un proceso complejo que limita la capacidad de los especialistas y retrasa los diagnósticos.



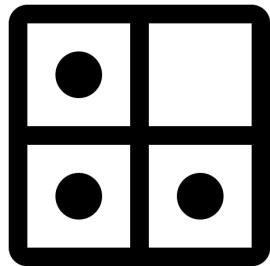
# 03

## FASE 2: DEFINIR

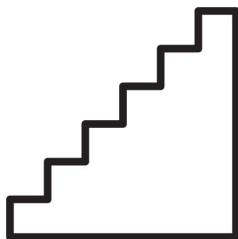


# 03

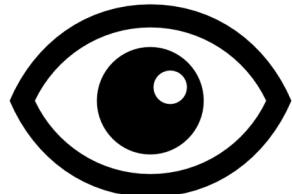
## FASE 2: DEFINIR - TÉCNICAS UTILIZADAS



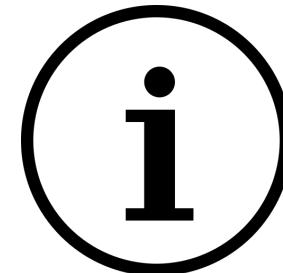
Matriz 2x2



Escalera  
Por qué - Cómo



Marco de punto  
de vista



Infografía

# 03

## FASE 2: DEFINIR - TRABAJO PREVIO



Lectura de  
ficheros  
FastQ de  
pacientes

Comparación  
con paciente  
perfecto

Prevención  
de errores

Análisis  
automático  
de los  
ficheros

Consulta  
historial  
clínico

Normalización  
y  
transformación  
de datos

Detección  
de  
variantes  
genómicas

Consultar  
información  
de sistemas  
externos

Predicción  
y  
explicabilidad

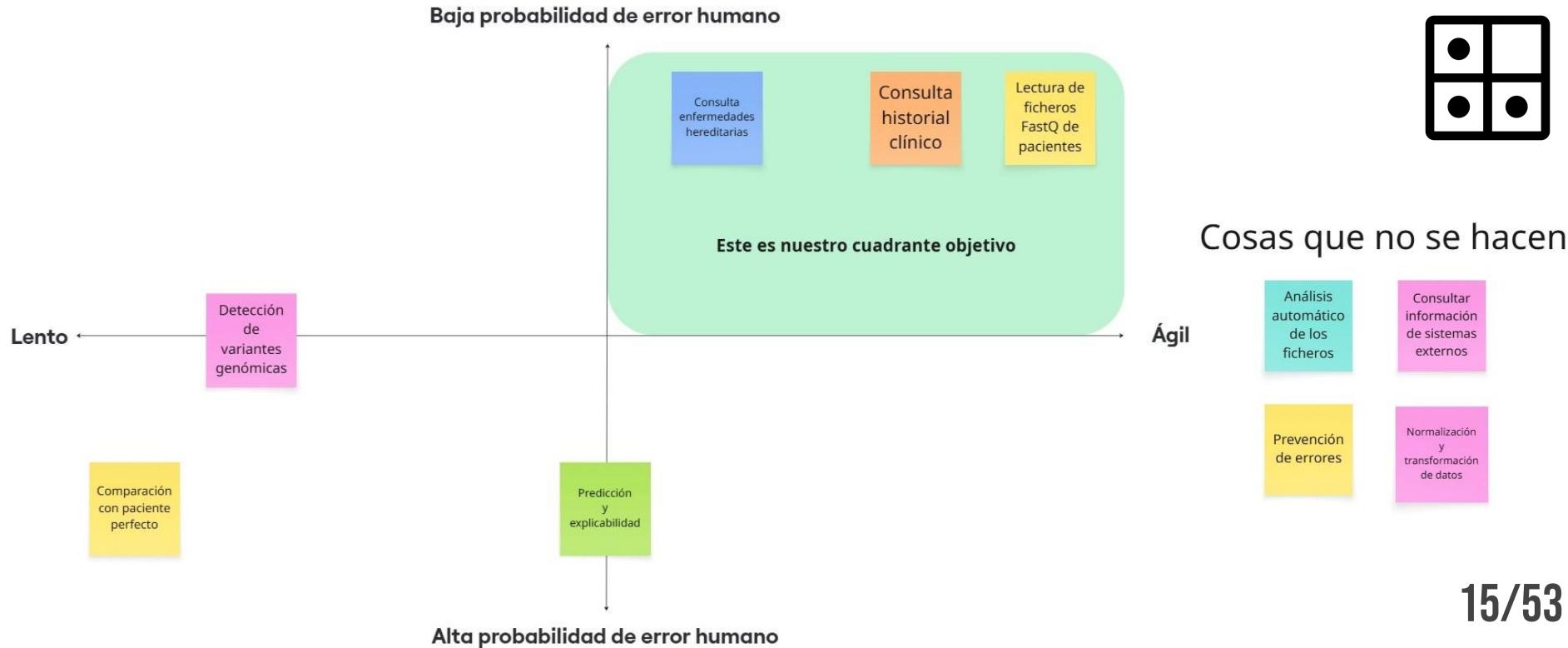
Consulta  
enfermedades  
hereditarias

# 03

## FASE 2: DEFINIR - MATRIZ 2x2

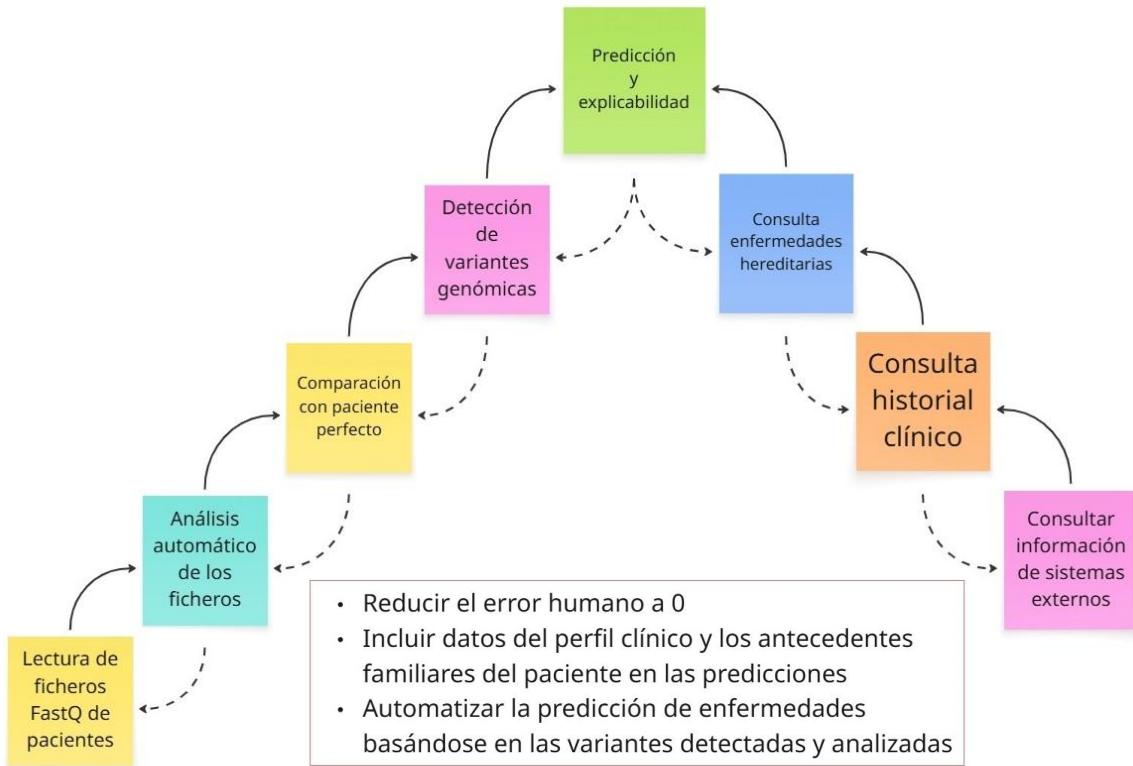
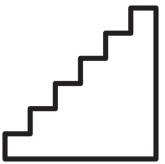


Baja probabilidad de error humano



# 03

## FASE 2: DEFINIR - ESCALERA POR QUÉ-CÓMO



# 03

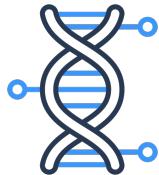
## FASE 2: DEFINIR - MARCO DE PUNTO DE VISTA



Conocimos a



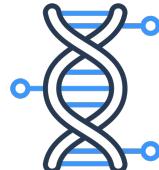
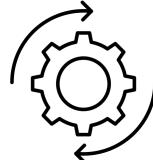
G7Innovation



Nos sorprendió que



Nos preguntamos si



Sería rompedor



# 03

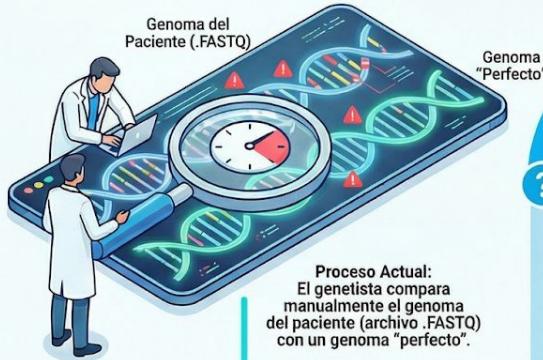
## FASE 2: DEFINIR - INFOGRAFÍA



i

### El Desafío del Diagnóstico Genético: Definiendo el Problema

#### ► EL ORIGEN DEL PROBLEMA: UN ANÁLISIS LENTO Y MANUAL



Proceso Actual:  
El genetista compara  
manualmente el genoma  
del paciente (archivo .FASTQ)  
con un genoma "perfecto".

#### DESAFÍOS PRINCIPALES



Escasez de  
genetistas



Alta complejidad  
del análisis



Falta de  
interoperabilidad  
entre sistemas

#### ► DESGLOSANDO LA COMPLEJIDAD (ANÁLISIS DE LOS 5 PORQUÉS)



##### 1. ¿POR QUÉ AUTOMATIZAR LA DETECCIÓN?

Para reducir el error humano  
y agilizar el proceso, ya que  
el análisis actual es  
muy lento.



##### 3. ¿POR QUÉ HAY TANTOS ERRORES?

La secuencia de nucleótidos  
es muy larga y existen  
muchísimas variantes  
(benignas y malignas).



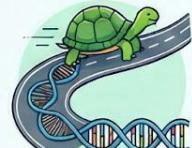
##### 4. ¿POR QUÉ ES DIFÍCIL LA INTER- PRETACIÓN?

La información de los  
repositorys médicos.



##### 5. ¿POR QUÉ NO SE USA MÁS INFORMACIÓN (HISTORIAL CLÍNICO)?

Aumentaría exponencialmente  
la complejidad, la lentitud y  
el riesgo de error humano.



La comparación manual del genoma  
del paciente para encontrar  
variantes requiere mucho tiempo.



La información de las variantes  
está dispersa en diferentes  
repositorys médicos.

# 04

## FASE 3: IDEAR

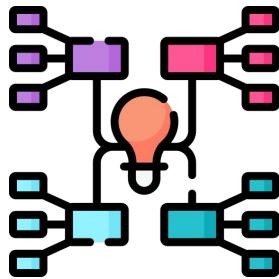


# 04

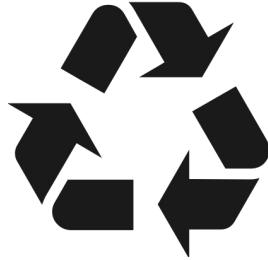
## FASE 3: IDEAR - TÉCNICAS UTILIZADAS



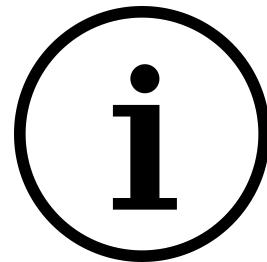
Brainwriting



Mapa mental



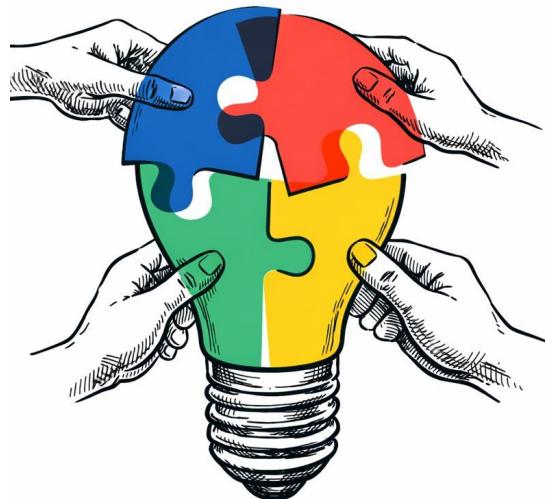
Scamper



Infografía

# 04

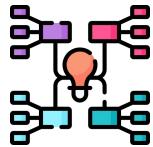
## FASE 3: IDEAR - BRAINWRITING



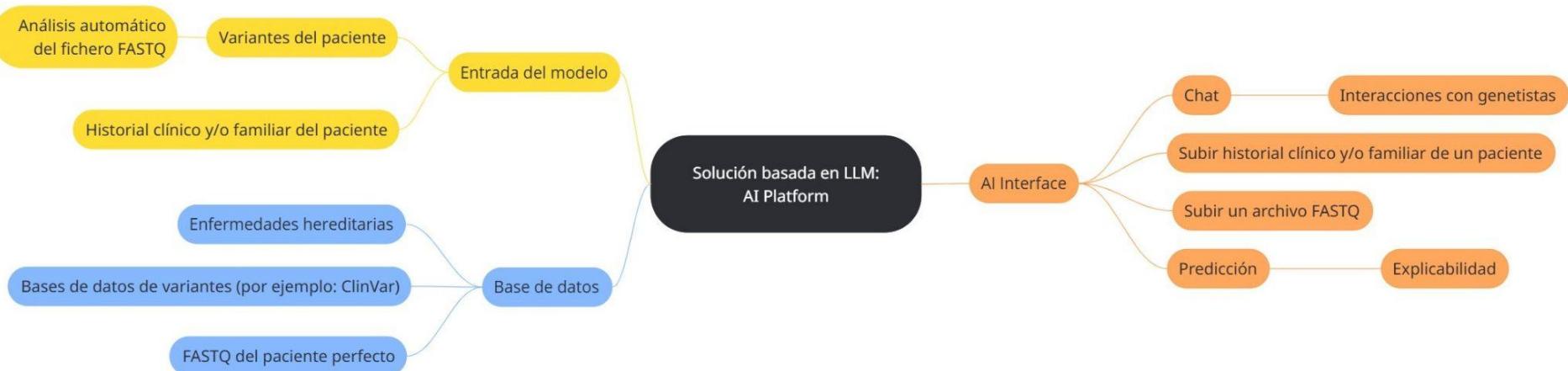
**36 → 4 → 3**

# 04

## FASE 3: IDEAR - MAPA MENTAL

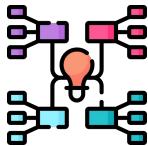


### IDEA CANDIDATA 1



# 04

## FASE 3: IDEAR - MAPA MENTAL

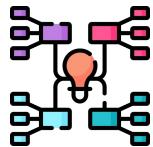


### IDEA CANDIDATA 2



# 04

## FASE 3: IDEAR - MAPA MENTAL



### IDEA CANDIDATA 3



# 04

## FASE 3: IDEAR - SCAMPER



SOLUCIÓN BASADA EN LLM: AI PLATFORM

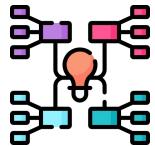
MEJORAS INTRODUCIDAS:

- MÓDULO INTEGRADO EN ODOO
- SISTEMA DE FEEDBACK



# 04

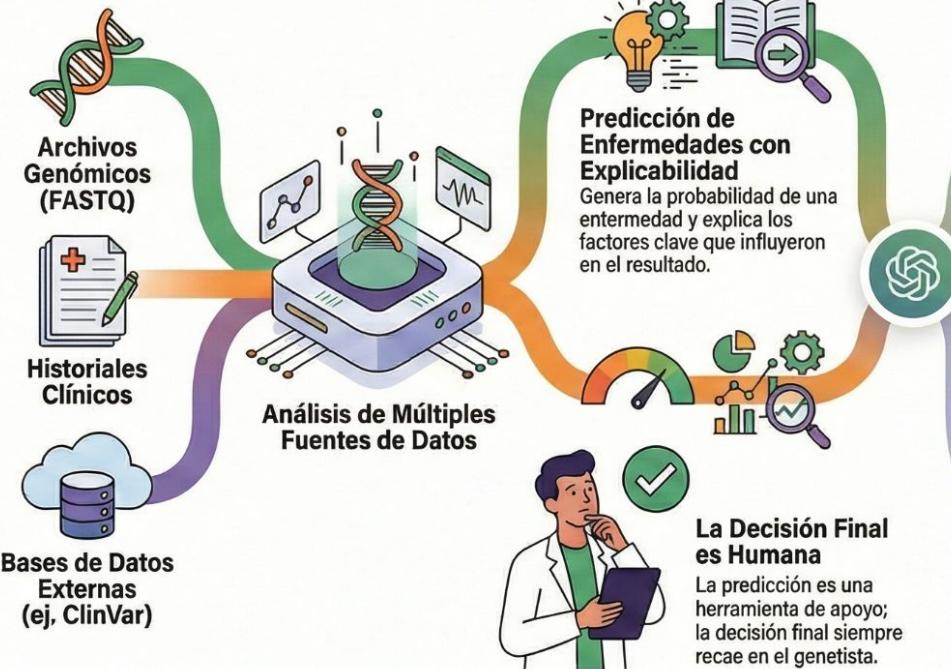
## FASE 3: IDEAR - MAPA MENTAL



### IDEA FINAL MEJORADA

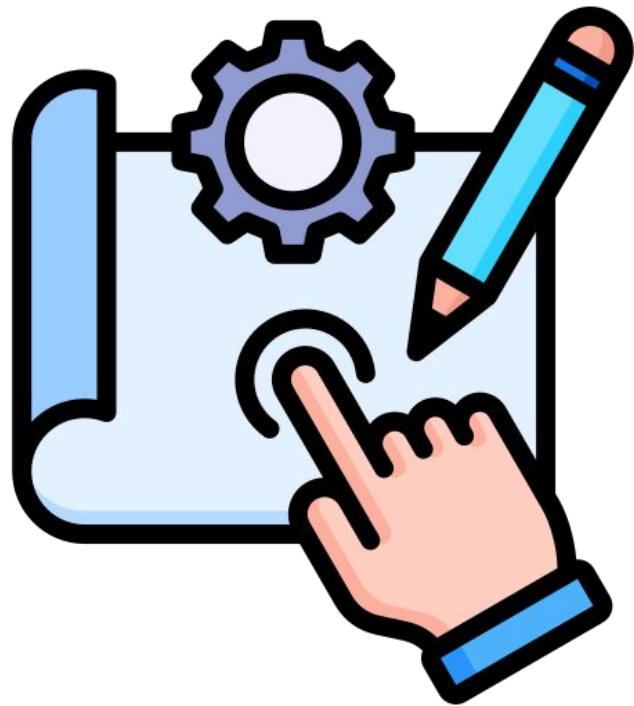


# 04 FASE 3: IDEAR



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - TÉCNICAS A USAR



Canvas



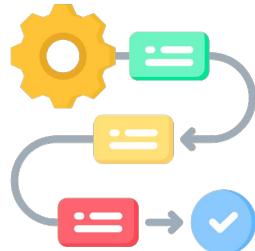
Storyboard



Prototipo

# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - CRITERIOS DE ÉXITO



Interfaz de usuario **intuitiva**



**Satisfacción** con el proceso



**Seguimiento** del proceso automatizado

# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - STORYBOARD

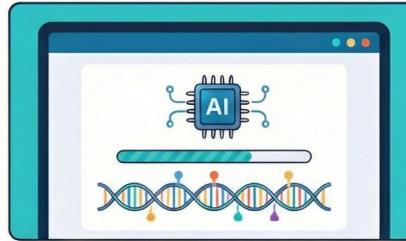


### El Storyboard del Genetista: Un Recorrido por la Plataforma de Diagnóstico Genético



#### 1. Carga de Datos del Paciente

El genetista inicia el proceso abiriendo los ficheros genómicos del paciente (formato .FASTQ) y su historial clínico a la plataforma.



#### 2. Detección Automática de Variantes

El sistema analiza automáticamente el fichero .FASTQ para encontrar las variantes genómicas, eliminando la necesidad de una revisión manual.



#### 3. Consulta de Enfermedades y Fuentes Médicas

La plataforma vincula las variantes detectadas con posibles enfermedades y ofrece acceso directo a bases de datos médicas externas, como ClinVar, para una investigación más profunda.



#### 4. Obtención de Predicciones Fiables

El sistema, utilizando el historial clínico y los datos genómicos, genera predicciones fiables que sirven como un soporte de confianza para el diagnóstico del genetista.



#### 5. Retroalimentación para la Mejora Continua

El genetista puede dar feedback sobre los resultados, lo que le permite entender el razonamiento del modelo y ayudar a reportar errores para mejorar el sistema.

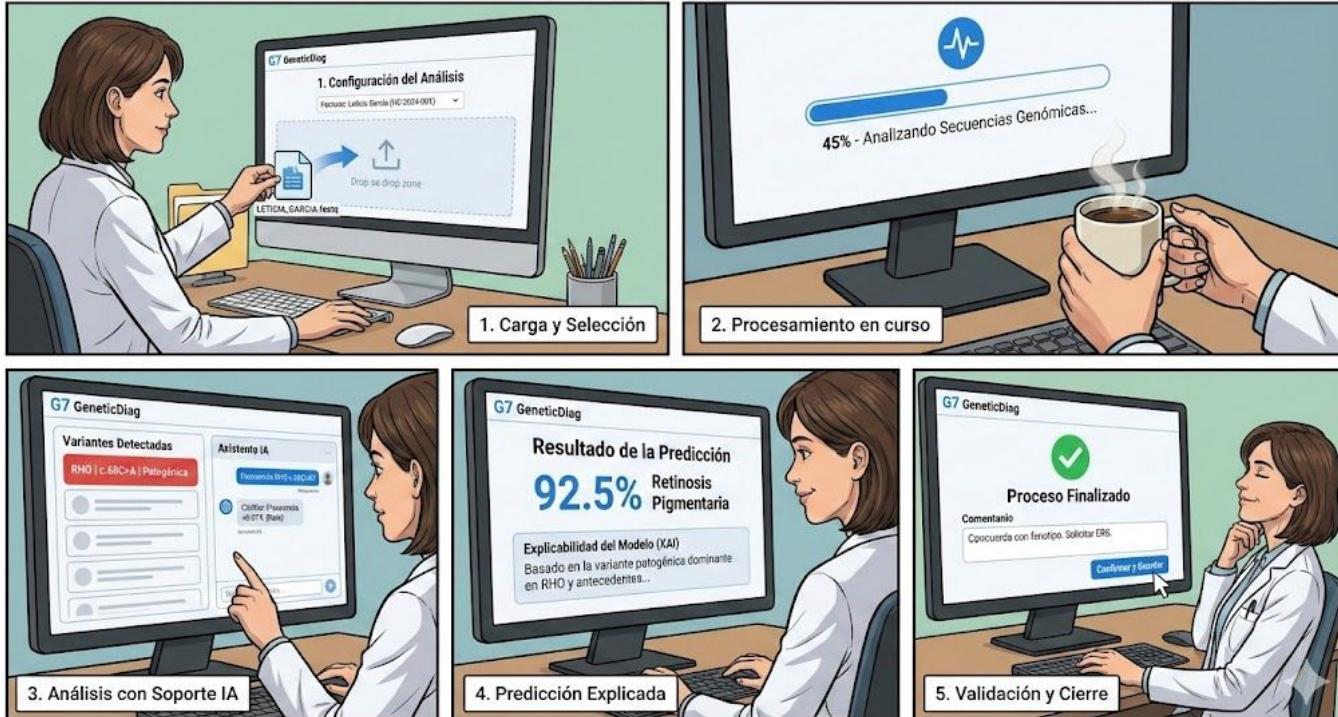


#### 6. Integración Total en el Flujo de Trabajo

Toda la experiencia ocurre dentro del software de la clínica (Odoo), permitiendo al genetista usar la herramienta sin cambiar de programa y manteniendo un flujo de trabajo unificado.

# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - STORYBOARD



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5

### 1. Configuración del Análisis

Seleccionar Paciente (Historial Clínico)

-- Seleccione un paciente --

Arrastra aquí el fichero .FASTQ  
o haz clic para explorar

↑

Procesar Archivo →

# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



 G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5



### Analizando Secuencias Genómicas

Comparando con genoma de referencia (GRCh38)...

 100% Completado

Análisis Completado - Ver Variantes

# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5

### Variantes Detectadas

RHO c.68C>A

Patogénica Profundidad: 120x

Ver en ClinVar

4 Variantes de interés

USH2A c.2299delG

Probablemente Patogénica Profundidad: 95x

Ver en ClinVar

ABCA4 c.5882G>A

Benigna Profundidad: 200x

Ver en ClinVar

Asistente IA - Genetista

IA: Hola, soy tu asistente GenIA. Estoy analizando el contexto de: Listado de variantes detectadas (RHO, USH2A...). ¿En qué puedo ayudarte?

Pregunta sobre la variante...



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5

**ABCA4** c.5882G>A

Benigna Profundidad: 200x

Ver en ClinVar

**RPGR** c.2405\_2406del

Incierta (VUS) Profundidad: 45x

Ver en ClinVar

Siguiente paso: Predicción IA

El modelo utilizará estas variantes filtradas junto con el historial de "Antecedentes de ceguera nocturna" para predecir patologías.

Ejecutar Predicción de Enfermedades

Asistente IA - Genetista

**IA:** Hola, soy tu asistente GenIA. Estoy analizando el contexto de: Listado de variantes detectadas (RHO, USH2A...). ¿En qué puedo ayudarte?

**Tú:** Me gustaría conocer más sobre tus fuentes

**IA:** Entendido. Basado en la base de datos ClinVar y el historial del paciente, esa variante tiene alta penetrancia en fenotipos retinianos.

Pregunta sobre la variante...



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5

### Resultado de la Predicción

ENFERMEDAD MÁS PROBABLE

# Retinosis Pigmentaria

92.5%

Confianza del modelo

#### Explicabilidad (XAI) [cite: 235]

Se han identificado variantes patogénicas en el gen RHO consistentes con el fenotipo clínico reportado y el historial familiar de ceguera nocturna.

#### Pruebas recomendadas:

Electrorretinograma

Campo visual computarizado

Validar Diagnóstico

#### Asistente IA - Genetista

IA: Hola, soy tu asistente GenIA. Estoy analizando el contexto de: Predicción: Retinosis Pigmentaria. Probabilidad: 92.5%. ¿En qué puedo ayudarte?

Pregunta sobre la variante...



# 05

## FASE 4: PROTOTIPAR - PROTOTIPO



 G7 GeneticDiag PROTOTYPE

1 — 2 — 3 — 4 — 5



### Proceso Finalizado

Por favor, valida la predicción del sistema para mejorar el modelo.

#### Comentarios del Genetista

Añade tus observaciones clínicas aquí...

Rechazar Predicción

 Confirmar y Guardar

# 06

## FASE 5: TESTEAR



OBSERVACIÓN IMPARCIAL

OBSERVACIÓN INVISIBLE

VALORACIÓN DE USUARIOS MOCK

PREGUNTAS DE RECAPITULACIÓN

JUEGO DE ROLES



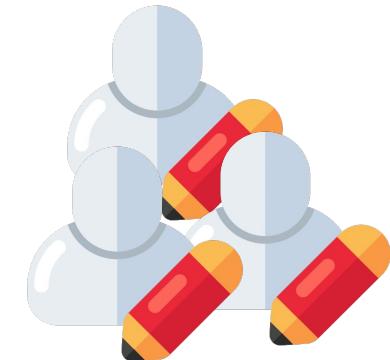
# 06

## FASE 5: TESTEAR - VALORACIÓN PROTOTIPO



# 06

## FASE 5: TESTEAR - VALORACIÓN PROTOTIPO



# 06

## FASE 5: TESTEAR - VALORACIÓN PROTOTIPO



# 06

## FASE 5: TESTEAR - JUEGO DE ROLES



# 06

## FASE 5: TESTEAR - RESULTADOS



### Puntos Fuertes (Lo que Funciona)



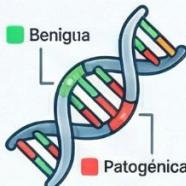
#### Flujo de Trabajo Lógico y Validado

La secuencia de carga, procesamiento, visualización de variantes y predicción es intuitiva y eficaz.



#### Ahorro Drástico de Tiempo

La herramienta automatiza la parte más lenta del proceso: la investigación y correlación de variantes.



#### Visualización Clara y Efectiva

El código de colores para variantes (Patogénica/Benigna) es muy valorado para un filtrado visual rápido.



### Áreas de Mejora Críticas (Próximos Pasos)



#### Mantener el Contexto Clínico Siempre Visible

El usuario necesita acceder al historial del paciente durante todo el análisis, no solo al inicio.



#### Aumentar la Confianza y la Transparencia

La predicción debe mostrar qué datos del historial usó y citar fuentes para ser considerada fiable.



#### Implementar Autoguardado y Anotaciones Flexibles

Añadir guardado automático de borradores y permitir tomar notas en cualquier fase del proceso.

### Insights Clave del Usuario

#### “ Mentalidad de “Mejor que sobre a que falte”

El usuario prefiere recibir más predicciones dudosas que arriesgarse a omitir un posible diagnóstico.



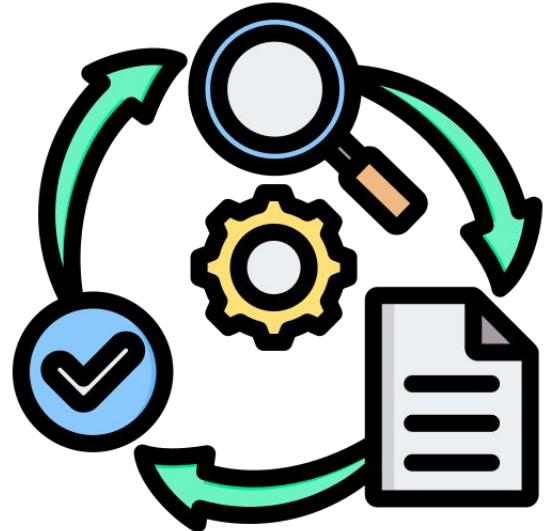
#### El Camino a ser “imprescindible”

La herramienta se volvería indispensable si centralizara toda la información, eliminando la búsqueda externa.

# 07

# CONCLUSIONES

- PROBLEMAS PRINCIPALES: ENCONTRAR VARIANTES, AGILIDAD
- EL PROTOTIPO ES VIALBE
- DESIGN THINKING INDISPENSABLE



# 07

## CONCLUSIONES - PROBLEMAS PRINCIPALES



# CONCLUSIONES - PROTOTIPO VIABLE

- ANÁLISIS AUTOMÁTICO
- PROCESO DIGITALIZADO
- USO DE IA RESPONSABLE
- FEEDBACK RECIBIDO



# CONCLUSIONES - DESIGN THINKING NECESARIO

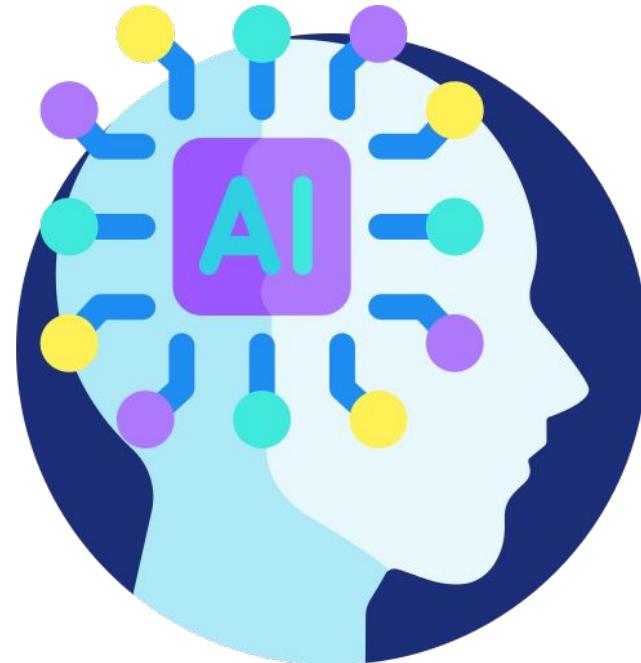
- COMPRENDER EL PROBLEMA
- MEJORAR EL PROCESO
- NUEVA ITERACIÓN PROTOTIPO



# 08

## USO DE LA IA

- AUMENTO DE LA PRODUCTIVIDAD
- TRANSPARENCIA DE PROMPTS
- UTILIZACIÓN SUPERVISADA



# 08

## NOTEBOOKLM



- **INFOGRAFÍAS:** EMPATÍA, DEFINIR, IDEAR Y TESTEO
- GENERACIÓN DE **STORYBOARD**
- FUENTE: **MEMORIA DEL PROYECTO**

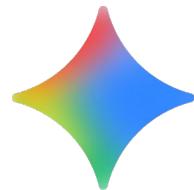


 NotebookLM

# 08 GEMINI



- GENERACIÓN DE **STORYBOARD**
- PROGRAMACIÓN DE **PROTOTIPO**
- JUEGO DE **ROLES CON ANTIGRAVITY**



**Gemini**





# MUCHAS GRACIAS



GITHUB

GITHUB

**CRÉDITOS:** Esta presentación incluye iconos de [Flaticon](#) e [Icons Icons](#)

# Fuentes y colores utilizados

Esta presentación ha sido realizada utilizando las siguientes fuentes:

**Montserrat**

(<https://fonts.google.com/specimen/Montserrat>)

**Bebas Neue**

(<https://fonts.google.com/specimen/Bebas+Neue>)

#434343

#5C5C5C

#F3F3F3

#40B9D7