# Pubmed Separador Guía de Usuario

Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas

Programa: Minería de Datos Aplicada a Sistemas Biológicos

> Reyes Bolaños Martín Marzo de 2021

# Índice

Pubmed-Batch-Download	1
Descripción	1
Instalación	1
Pubmed Separador	2
Parámetros del archivo	
Funcionamiento del programa	3

#### **Pubmed-Batch-Download**

### Descripción

Este software elaborado por Bill Greenwald es indispensable para el funcionamiento de este proyecto, ya que nos ayuda a descargar documentos PDF provenientes de la plataforma Pubmed con tan solo introducir el ID del artículo.

#### Instalación

El enlace para consultar dicho proyecto a través de Github es el siguiente: https://github.com/billgreenwald/Pubmed-Batch-Download.

Después que se haya descargado es importante tener alguna versión instalada de Anaconda para su correcta ejecución.

Una vez tengamos descargados e instalados dichos componentes es necesario abrir una terminal y ejecutar el siguiente comando:

```
Linux: conda env create -f pubmed-batch-downloader-py3.yml Windows: conda env create -f pubmed-batch-downloader-py3-windows.yml
```

Para activar el entorno usamos la siguiente sentencia:

```
conda activate pubmed-batch-downloader-py3
```

En caso de utilizar el Sistema Operativo Windows es necesario seguir los siguientes comandos para instalar otros paquetes no incluidos en la instalación predeterminada:

```
conda install requests beautifulsoup4 lxml
conda install requests3
```

#### **Pubmed Separador**

Después de instalar correctamente el programa anterior en nuestro ordenador, es necesario que en la carpeta Pubmed-Batch-Download-master se incluya el archivo PubmedSeparador.py para que el programa se ejecute de manera correcta.

#### Parámetros del archivo

Este programa utiliza tres parámetros, de los cuáles dos de ellos requieren leer archivos excel (.xlx) con un nombre específico en sus columnas para extraer la información importante de manera correcta:

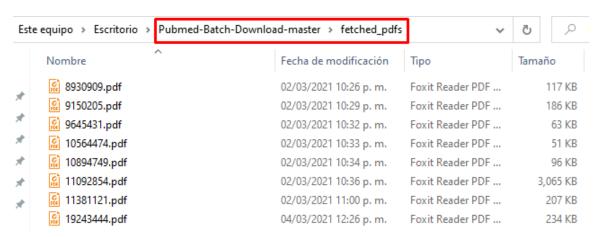
- En el apartado 'Factores' utiliza la información general sobre los genes, para esto se necesitan tres columnas obligatorias (Locus Tag, Gene Name y Product Synonyms), mientras que existen dos opcionales, las cuales deben llevar el nombre de 'Type1' y 'Type2' en caso de que también exista información sobre la interacción los genes.

Locus Tag	Gene Name	Product Synonyms	Type1	Type2
PA4147	acoR		TF	TG
PA0601	agtR	two-component response regulator, AgtR	TF	TG
PA0294	aguR	transcriptional regulator AguR	TF	TG
PA5483	algB		TF	TG
PA5255	algQ	transcriptional regulatory protein AlgR2	TF	TG
PA5261	algR	AlgR1	TF	TG
PA4446	algW		TF	TG
PA5200	amgR	AmgR	TF	TG

- Keyword: Este segundo apartado se encarga de extraer las palabras que indican alguna interacción entre una o varios genes. Para esto el archivo tipo excel solo debe tener una columna denominada 'KEYWORD'

KEYWORD
activation
repression
regulation
activate
repress
regulated
activator
repressor
regulate
inhibition
Promoter
enhancer
binding sites
operon
receptor
cis-regulatory

- ID - PDF: En este último apartado solo es necesario introducir el ID del archivo localizado en la plataforma de PUBMED con el fin de descargarlo a la carpeta fetched\_pdfs y leer su contenido.

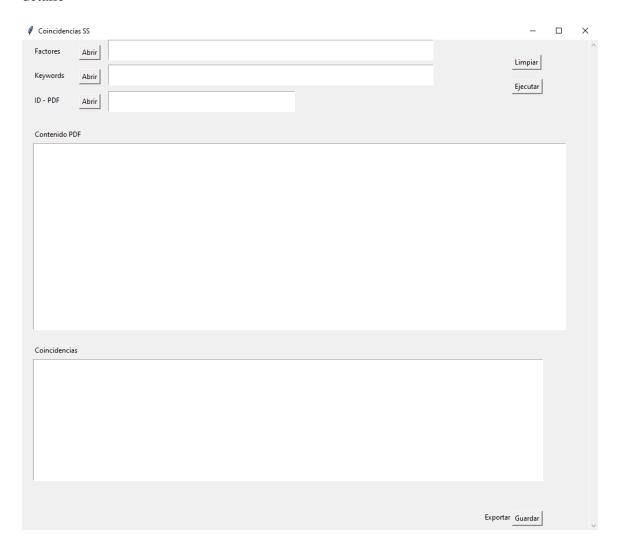


#### Funcionamiento del programa

Para ejecutar el programa es necesario abrir una terminal ubicada en la carpeta *Pubmed-Batch-Download-master* y ejecutar el siguiente comando:

## python pubmedSeparador.py

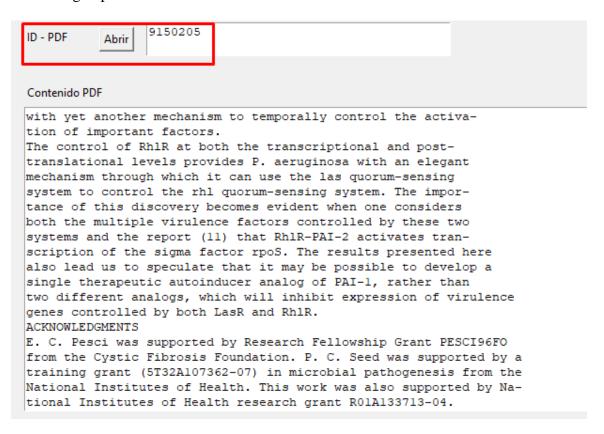
A los pocos segundos se abrirá la siguiente ventana, el cual se procederá a explicar a detalle



En la primera parte podemos ver tres botones con los nombres factores, Keywords y ID-PDF, en los cuales se buscará la ruta de los archivos tipo excel que contienen la información ya explicada anteriormente.

Factores	Abrir	C:/Users/MREYESCO/Desktop/Pubmed-Batch-Download-master/Factores.xlsx
Keywords	Abrir	C:/Users/MREYESCO/Desktop/Pubmed-Batch-Download-master/keywords.xlsx
ID - PDF	Abrir	9150205

Una vez se escriba el ID en el tercer apartado y le demos click al botón Abrir, se descargará el documento y lo desplegará en el apartado Contenido PDF en caso de que no exista ningún problema.



En la esquina superior derecha aparecen dos botones: limpiar nos ayuda a eliminar el contenido de todos los apartados, mientras que Ejecutar realiza el algoritmo encargado de extraer la información más importante de todo el artículo dependiendo de las palabras

encontradas en los documentos utilizados para extraer palabras clave, los resultados aparecen en la sección Coincidencias.

#### Coincidencias

Our data indicate that lasR and rhlR are expressed in a growth-dependent manner, with activation of each gene occurring during the last half of log-phase growth.

It has also been reported that rhl quorum sensing activates the expression of rpoS, a stationary-phase sigma factor that controls numerous genes (11).

In addition, we show that lasR and rhlR are expressed in a growth-dependent manner, with each gene being activated

Finalmente, en la esquina inferior derecha aparece el botón Guardar la cual crea un archivo .txt en la carpeta Coincidencias (este directorio se crea en caso de que no exista) con la información mostrada en el apartado anterior en caso de que lo consideremos importante y se desee consultarla en otro momento.

