



Proyecto PANGEA

Historial de versiones

Fecha (dd/mm/aa)	Versión #.#	Descripción	Realizado por
16/09/18	0.1	Versión inicial.	Diana, Luis.
21/09/18	1.0	Requisitos detallados.	Todos.
28/11/18	2.0	Versión Final	Antonio

Índice

Página

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

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	Link de los rs's a su página de NCBI	Alta
5	Sistema de usuarios con capacidad de cambiar las contraseñas	Media
6	Permisos de administrador a Laura para agregar frecuencias	Media
7	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: 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-5: 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-6: 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-7: 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	Alta
4	Acceso simultáneo a 6 usuarios	Alta
5	Página de Inicio.	Media
6	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

- 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. Todas las páginas desplegadas por nuestra herramienta deberán tener un link al manual de usuario.

RNF-4: Acceso simultáneo a 6 usuarios

- I. Descripción: Nuestra página tiene que soportar a un total de 6 personas solicitando información de la página simultáneamente

RNF-5: Página de Inicio.

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

RNF-6: Interfaz en español, documentación y software en inglés.

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

[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/>