

**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

**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 | 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:

1. Input:
   1. Un solo rs por medio del buscador.
   2. Lista de rs’s en un archivo de texto plano.
   3. Cromosoma o región cromosómica.
2. 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.
3. Output. los inputs solicitados para cada tipo de búsqueda son:
   1. Para RS:

Opción #1:

* + - 1. Cromosoma
      2. Posición de inicio y final
      3. Cadena (+/-)
      4. Alelo de referencia
      5. Tipo de rs
      6. Tiene que ser de ambas bases de datos
      7. Alelo alternativo toma de una sola base de datos

Opción #2:

* + - 1. Frecuencias poblacionales para cada alelo

Opción #3:

* + - 1. Ambas
  1. Para cromosomas:
     1. Una lista de rs’s dentro de esa región.

1. Comentarios:
   1. Si un rs no tiene asignada alguna frecuencia alélica, se asignará “NA”

RF-2: Fabricar página web.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

1. 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.

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

RNF-4: Página de Inicio.

1. 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

[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/