Código de colores:

avisa: Aviso de error.

avisa: Aviso de continuar, “si o no”.

avisa: Aviso de precaución o información.

avisa: Aviso de finalización exitosa.

Alternativas

Excepciones

## Cargar metadatos

1. El usuario presiona el botón “Cargar muestras”.
2. El sistema abre una ventana con la selección del archivo.
3. El usuario selecciona la ruta del archivo a cargar.
4. El sistema verifica que el archivo esté en formato MAGE-TAB.
   1. El sistema avisa que la operación ha fallado porque el archivo provisto no sigue el formato indicado.
5. El sistema muestra los datos de las muestras en la tabla.

## Agrupar muestras

1. El usuario selecciona y agrupa las muestras según corresponda.
2. El usuario modifica el valor de “Error estándar máximo”.
3. El usuario presiona el botón “Procesar muestras”.
   1. El sistema avisa al usuario que hay muestras sin agrupar.
   2. El sistema avisa al usuario que no hay cantidad suficiente de grupos.
   3. El sistema avisa que ciertas muestras no se encuentran en la carpeta con los metadatos.
4. El sistema abre una ventana para colocar la ruta dónde guardar el archivo.
5. El usuario selecciona la ruta del archivo a *guardar*.

## Procesar muestras

1. El sistema agrupa las muestras del mismo grupo y calcula el promedio y error estándar de la intensidad de cada sonda.
2. El sistema avisa que hay sondas que no pudieron ser mapeadas y serán eliminadas.
   1. El sistema avisa que cantidad de sondas presentan mayor error estándar al valor establecido y crea un nuevo archivo dónde vuelca esta información.
   2. El sistema avisa que las sondas no coinciden entre los archivos.
3. El sistema crea un nuevo archivo con las sondas, que no fueron filtradas, y sus intensidades por grupo.
4. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente y se guardó el nuevo archivo con su nombre correspondiente.

## Controlar calidad

1. El sistema genera un gráfico de componentes de los datos guardados.
2. El sistema genera un heatmap de los datos guardados.
3. El sistema genera un boxplot y curva de intensidad de los datos guardados.
4. El sistema muestra en una ventana los gráficos.

## Procesar sondas

1. El usuario presiona el botón “Cargar sondas”.
2. El sistema abre la ventana con la selección del archivo.
3. El usuario selecciona la ruta del archivo.
4. El sistema verifica que el archivo esté en el formato correcto.
   1. El sistema avisa que la operación ha fallado porque el archivo provisto no sigue el formato indicado.
5. El sistema muestra el nombre del archivo en la interfaz
6. El usuario modifica los valores para los filtros de multimappers y/o error estándar.
7. El usuario presiona el botón “Procesar sondas”.
8. El sistema abre una ventana para colocar la ruta de la carpeta dónde guardar los archivos.
9. El usuario selecciona la ruta de la carpeta dónde guardar.

## Mapear y filtrar

1. El sistema procesa cada sonda y la mapea con el gen correspondiente
2. Se filtran las sondas que no sean específicas al organismo indicado, se avisa al sistema la cantidad y se crea un archivo dónde se vuelva la información.

## Promediar y filtrar

1. El sistema calcula el promedio y error estándar de las sondas que estén mapeadas al mismo gen.
2. El sistema avisa que cantidad de genes presentan mayor error estándar que el valor establecido y crea un nuevo archivo dónde vuelca esta información.
3. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente y se guardó el nuevo archivo con su nombre correspondiente, que contiene los genes que pasaron el filtro.

## Procesar genes

1. El usuario presiona el botón “Cargar genes”.
2. El sistema abre la ventana con la selección del archivo.
3. El usuario selecciona la ruta del archivo.
4. El sistema verifica que el archivo esté en el formato correcto.
   1. El sistema avisa que la operación ha fallado porque el archivo provisto no sigue el formato indicado.
5. El sistema muestra el nombre del archivo en la interfaz
6. El usuario selecciona cuál de los grupos de genes será usado como grupo de control en el modelo.
7. El usuario modifica los valores para los filtros.
8. El usuario presiona el botón “Procesar genes”.
9. El sistema abre una ventana para colocar la ruta de la carpeta dónde guardar los archivos.
10. El usuario selecciona la ruta de la carpeta dónde guardar.

## Procesar grupos de genes

1. El sistema crea el modelo con el grupo de control y calcula el log2foldchange y p-value.
2. El sistema avisa que cantidad de genes presentan mayor p-value que el valor establecido y crea un nuevo archivo dónde vuelca esta información.
3. El sistema muestra un gráfico q-q y un histograma con la distribución de los p-value a modo de verificar visualmente los resultados.

## Enriquecer

1. El sistema enriquece los genes.
2. El sistema guarda los genes enriquecidos.

## Cargar resultados

1. El usuario presiona el botón “Cargar resultados”.
2. El sistema abre una ventana con la selección de archivos.
3. El usuario selecciona los archivos a cargar.
4. El sistema verifica que los archivos esté un formato correcto.
   1. El sistema avisa que la operación ha fallado porque el archivo provisto no sigue el formato indicado.
5. El sistema muestra los datos de las muestras en la tabla.

## Análisis y metanálisis de resultados

1. El usuario presiona el botón “Graficar”.
2. El sistema abre una venta que muestra los gráficos posibles.
3. El usuario elige el gráfico
4. El sistema abre una venta solicitando parámetros adicionales y el usuario elige las opciones.
5. El sistema abre una ventana con el resultado.

## Avisar (loguear)

1. El sistema muestra el aviso según el tipo y el texto provisto.
2. El sistema procesa y devuelve la respuesta del usuario al aviso.