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 los parámetros del procesamiento.
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.
4. El usuario selecciona la ruta donde se encuentran las muestras.
   1. El sistema avisa que ciertas muestras no se encuentran en la carpeta con los metadatos.
   2. El sistema avisa que las sondas no coinciden entre los archivos.
5. El usuario selecciona cual de los grupos es el grupo de control.

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 crea un nuevo archivo por grupo con las sondas, que fueron filtradas, y sus intensidades.
3. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente.

Generar reporte muestras

1. El sistema genera un gráfico de componentes de los datos.
2. El sistema genera un heatmap de los datos.
3. El sistema genera un boxplot de los datos.
4. El sistema genera un KDE de los datos.
5. El sistema muestra en una ventana los gráficos.

Procesar sondas

1. El sistema mapea las sondas con su gen o genes correspondientes.
2. El sistema quita las sondas que no mapean con ningún gen y las guarda en un archivo.
3. El sistema quita las sondas que mapean varios genes y las guarda en un archivo.
4. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente.

Procesar genes

1. El sistema acomoda los datos para que cada intensidad esté asignada con un gen por fila.
2. El sistema calcula el promedio y error estándar de la intensidad de cada gen en cada grupo.
3. El sistema crea un nuevo archivo por grupo con las sondas, que fueron filtradas, y sus intensidades.
4. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente.

Calcular expresión

1. El sistema crea el modelo con el grupo de control y calcula el log2fc y p-value.
2. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente.

Generar reporte limma

1. El sistema muestra un gráfico q-q, un histograma con la distribución de los p-value y un histograma con los log2fc por cada grupo, a modo de verificar visualmente los resultados.

Enriquecer

1. El sistema enriquece los genes.
2. El sistema guarda los genes enriquecidos.
3. El sistema avisa que la operación ha finalizado correctamente y muestra los datos filtrados.

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 tengan 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 meta análisis de resultados

1. El usuario presiona el botón “Graficar”.
2. El sistema abre una ventana con el resultado.

Avisar (loguear)

1. El sistema muestra el aviso según el tipo y el texto provisto.