Nombre del Equipo: WAPI Aplicaciones Inteligentes.



Especificación de Requerimientos de Software.

Curso: Proyecto de Ingeniería del Software I.

Profesores:

Álvaro Cordero.

Pablo Monestel.

Estudiantes:

|  |  |
| --- | --- |
| Javier Barboza. | Diego Barillas Valverde. |
| José Cerdas González. | Miguel Coto García. |
| Oscar Santamaría Venegas. | Elizabeth Villalobos Molina. |

II Cuatrimestre, 2014.

**TABLA DE CONTENIDO**

[1. Introducción. 4](#_Toc389929395)

[2. Propósito y Ámbito del Sistema 4](#_Toc389929396)

[2.1 Propósito 4](#_Toc389929397)

[2.2 Ámbito del sistema. 4](#_Toc389929398)

[3. Definiciones, acrónimos y abreviaturas. 4](#_Toc389929399)

[3.1 Definiciones: 4](#_Toc389929400)

[3.2 Acrónimos: 4](#_Toc389929401)

[3.3 Abreviaturas: 5](#_Toc389929402)

[4. Referencias 5](#_Toc389929403)

**TABLA DE ILUSTRACIONES**

[Figura 1. Logo APA (American Psychological Association). 5](#_Toc381548279)

# Introducción.

Este documento es una especificación de requisitos de software para una aplicación que consiste en un gestor de citas inteligente; el mismo se ha realizado según la norma APA 2014 y basándose en la estructura del estándar IEEE 830. En el documento se aborda el propósito de la app que tiene como objetivo ser un canal interactivo de coordinación de citas entre los estudiantes y el personal docente y administrativo de la universidad Cenfotec.

# Propósito y Ámbito del Sistema

## Propósito

## Ámbito del sistema.

# Definiciones, acrónimos y abreviaturas.

## Definiciones:

|  |  |
| --- | --- |
| App | Aplicación o sistema informático. |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

## Acrónimos:

|  |  |
| --- | --- |
| GIC | Gestor Inteligente de Citas. |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

## Abreviaturas:

|  |  |
| --- | --- |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |
|  |  |

# Referencias

Andrews, S. Fastqc, (2010). A quality control tool for high throughput sequence data.

Augen, J. (2004). Bioinformatics in the post-genomic era: Genome, transcriptome, proteome, and information-based medicine. Addison-Wesley Professional.

Blankenberg, D., Kuster, G. V., Coraor, N., Ananda, G., Lazarus, R., Mangan, M., ... & Taylor, J. (2010). Galaxy: a web‐based genome analysis tool for experimentalists. Current protocols in molecular biology, 19-10.

Bolger, A., & Giorgi, F. Trimmomatic: A Flexible Read Trimming Tool for Illumina NGS Data. URL http://www. usadellab. org/cms/index. php.

Giardine, B., Riemer, C., Hardison, R. C., Burhans, R., Elnitski, L., Shah, P., ... & Nekrutenko, A. (2005). Galaxy: a platform for interactive large-scale genome analysis. Genome research, 15(10), 1451-1455.

Goecks, J., Nekrutenko, A., & Taylor, J. (2010). Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. Genome Biol, 11(8), R86.

Haas, B. J., Papanicolaou, A., Yassour, M., Grabherr, M., Blood, P. D., Bowden, J., ... & Regev, A. (2013). De novo transcript sequence reconstruction from RNA-seq using the Trinity platform for reference generation and analysis. Nature protocols, 8(8), 1494-1512.

HÁJKOVÁ, P., Zemanová, B., BRYJA, J., Hájek, B., Roche, K., TKADLEC, E., & ZIMA, J. (2006). Factors affecting success of PCR amplification of microsatellite loci from otter faeces. Molecular Ecology Notes, 6(2), 559-562.

Mardis, E. R. (2008). The impact of next-generation sequencing technology on genetics. Trends in genetics, 24(3), 133-141.

Martin, J. A., & Wang, Z. (2011). Next-generation transcriptome assembly. Nature Reviews Genetics, 12(10), 671-682.

Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads.

Michigan State University. (2013). Annotation pipeline [Imagen]. Recuperada de http://cpgr.plantbiology.msu.edu/training/workshop\_mar07/Lecture3\_GenomeAnnotation.pdf

Miller, D. J., Ball, E. E., Forêt, S., & Satoh, N. (2011). Coral genomics and transcriptomics—ushering in a new era in coral biology. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 408(1), 114-119.

Miller, J. R., Koren, S., & Sutton, G. (2010). Assembly algorithms for next-generation sequencing data. Genomics, 95(6), 315-327.

Wilhelm, B. T., & Landry, J. R. (2009). RNA-Seq-quantitative measurement of expression through massively parallel RNA-sequencing. Methods (San Diego, Calif.), 48(3), 249.