PEC 3 - Desarrollo del trabajo - Fase 2 Endo-Mining: herramienta web para la búsqueda automatizada de genes potencialmente relacionados con la endometriosis a través de minería de textos

### Jorge Vallejo Ortega

## 13/05/2021

# Índice

1	Descripción del avance del proyecto	2
	1.1 Grado de cumplimiento de los objetivos y resultados previstos en el plan de trabajo	2
	1.1.1 Objetivos generales	2
	1.1.2 Objetivos específicos	
2	Relación de las actividades realizadas	3
	2.1 Actividades previstas en el plan de trabajo	
	2.1.1 Tarea 1. Definir esquema de la aplicación web	3
	2.1.2 Tarea 2. Página de visualización de abstracts	8
	2.2 Actividades no previstas y realizadas	8
3	Relación de las desviaciones en la temporización y acciones de mitigación si procede y	
	actualización del cronograma si procede	9
	3.1 Desviaciones	
	3.2 Acciones de mitigación	
	3.3 Actualización del cronograma	9
4	Listado de los resultados parciales obtenidos hasta el momento (entregables que se ad-	
	juntan)	10
5	Apéndices	11
	5.1 Apéndice A: Código	
	5.2 Apéndice B: Reproducibilidad	11
К	Referencies	19

### 1 Descripción del avance del proyecto

# 1.1 Grado de cumplimiento de los objetivos y resultados previstos en el plan de trabajo

Los objetivos planteados generales y específicos son:

#### 1.1.1 Objetivos generales

1. Encontrar genes relacionados con la endometriosis aplicando técnicas de minería de textos.

#### 1.1.2 Objetivos específicos

- 1. Desarrollar un script que permita realizar un procedimiento de minería de textos automáticamente, desde la recopilación de datos en bruto hasta la presentación de resultados.
- 2. Desarrollar una aplicación web implementando el script de minería de textos que resultó del objetivo anterior.

#### 2 Relación de las actividades realizadas

#### 2.1 Actividades previstas en el plan de trabajo

#### 2.1.1 Tarea 1. Definir esquema de la aplicación web

El objetivo de esta tarea era tener una idea clara de la estructura que tendría la aplicación una vez finalizada; los *inputs* necesarios, los *outputs*, los diferentes controles al alcance del usuario y una idea aproximada del aspecto final. A continuación incluyo los diseños, realizados con LibreOffice Draw, de las diferentes secciones que planeé para la aplicación web:

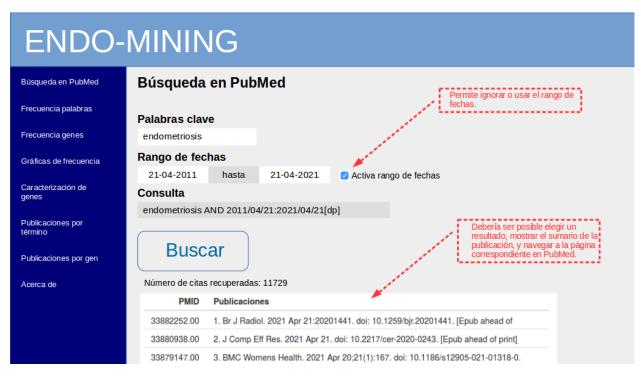


Figura 1: Pantalla inicial. Incluye los campos para entrada de palabras clave de búsqueda y rango de fechas. Muestra la cantidad de citas encontradas y una tabla con los datos de publicación de todas ellas.



Figura 2: Frecuencia de palabras. Muestra una tabla con la frecuencia de las palabras que componen el corpus primario.

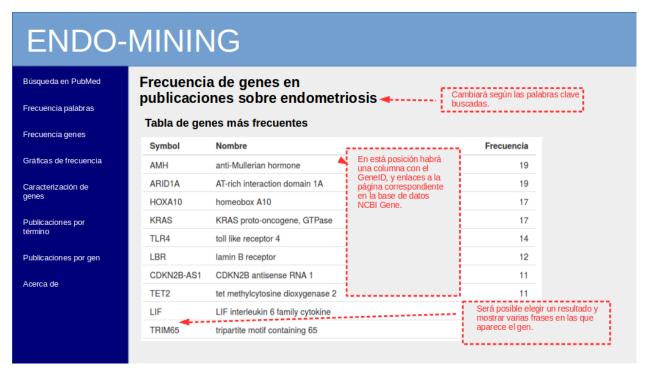


Figura 3: Frecuencia de genes. Muestra una tabla con los genes recuperados del corpus primario y su frecuencia, ordenados de mayor a menor.



Figura 4: Gráficas de frecuencia de palabras y genes en el corpus primario. Listas desplegables permitirán elegir el tipo de gráfica (nube de palabras o gráfica de barras) y la entidad mostrada (palabras o genes). Se podrá elegir la frecuencia máxima y mínima de las entidades representadas, y cuántas entidades aparecerán en las gráficas.

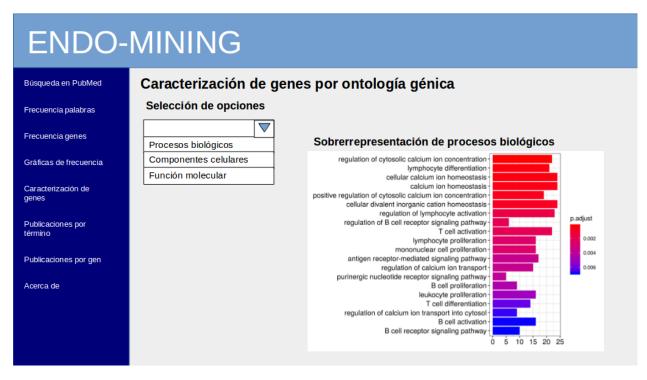


Figura 5: Caracterización por ontología génica. Muestra en una gráfica de barras los datos de ontología génica sobrerrepresentados en la muestra de genes. Con una lista desplegable se podrá elegir representar los datos correspondientes a procesos biológicos, componentes celulares o función molecular.



Figura 6: Filtrar publicaciones por término. El usuario podrá introducir una palabra y obtener como resultado un subgrupo del corpus conteniendo dicha palabra.



Figura 7: Filtrar publicaciones por gen. El usuario podrá elegir un gen de una lista desplegable, de entre la lista de genes extraidos del corpus primario. El resultado será una selección de las citas del corpus que contienen el gen seleccionado.

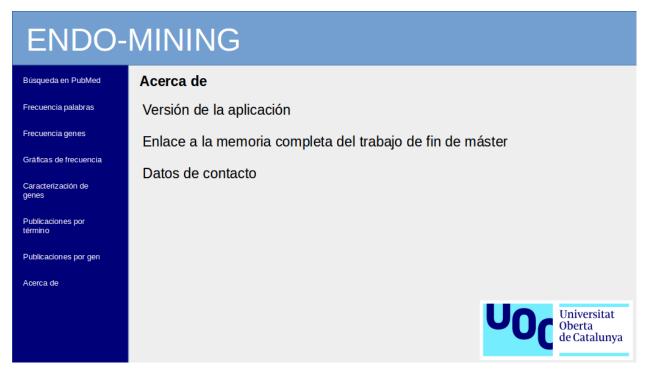


Figura 8: Esta sección de la aplicación mostrará al usuario información acerca de la propia aplicación, el trabajo de fin de máster en el que tiene su origen y los datos de contacto del creador.

A medida que fui implementando funcionalidades, algunas opciones acabaron siendo descartadas, y se incluyeron otras al juzgar que el usuario las encontraría útiles. XXXX Completar y modificar este párrafo con ejemplos concretos sacados de la aplicación real (ej. los controles en la sección de ontología génica son más completos de previsto) XXX

#### 2.1.2 Tarea 2. Página de visualización de abstracts

El objetivo de esta tarea es permitir que el usuario, desde la aplicación web, pueda leer los sumarios de las citas recuperadas. Además se ofrece la posibilidad de navegar hasta la página origen de la cita en PubMed, a través de un hiperenlace.

En la pantalla inicial de la aplicación los resultados de la búsqueda se muestran como una tabla interactiva. Al seleccionar el usuario cualquiera de los resultados de la tabla, se le muestra la información contenida en el respectivo sumario maquetada de forma que la información de la publicación (título, año, etc.) aparece en letra negrita, al igual que el título del artículo, y el resto del texto del sumario en letra cursiva. También se crea de forma reactiva un hiperenlace a PubMed, donde puede consultarse la cita y, en su caso, el texto completo del artículo.

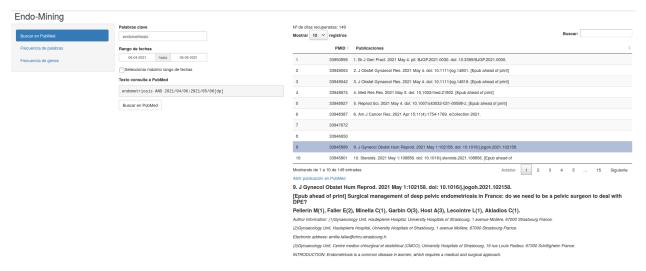


Figura 9: Pantalla de inicio de la aplicación. Depués de introducir las palabras clave, el rango de fechas y pulsar en el botón "Buscar en PubMed" los resultados de la búsqueda se muestran en la zona derecha de la imagen. Seleccionando cualquiera de los resultados de la tabla, el texto del sumario correspondiente se muestra bajo la misma, junto a un hiperenlace para visitar la página en PubMed dedicada al artículo.

#### 2.2 Actividades no previstas y realizadas

- 3 Relación de las desviaciones en la temporización y acciones de mitigación si procede y actualización del cronograma si procede
- 3.1 Desviaciones
- 3.2 Acciones de mitigación
- 3.3 Actualización del cronograma

4	Listado de los resultados parciales obtenidos hasta el momento (entregables que se adjuntan)

#### 5 Apéndices

#### 5.1 Apéndice A: Código

El documento original en formato .Rmd que incluye el código completo en lenguaje R usado para generar este informe (fichero PEC3\_fase2\_informe.Rmd), se puede consultar y descargar desde el siguiente repositorio en Github: jorgevallejo/endometriosis-text-mining

#### 5.2 Apéndice B: Reproducibilidad

#### sessionInfo() # For better reproducibility

```
## R version 3.6.3 (2020-02-29)
## Platform: i686-pc-linux-gnu (32-bit)
## Running under: Ubuntu 16.04.7 LTS
##
## Matrix products: default
## BLAS:
           /usr/lib/libblas/libblas.so.3.6.0
## LAPACK: /usr/lib/lapack/liblapack.so.3.6.0
##
## locale:
##
   [1] LC_CTYPE=en_US.UTF-8
                                   LC NUMERIC=C
   [3] LC_TIME=en_GB.UTF-8
                                   LC_COLLATE=en_US.UTF-8
##
   [5] LC_MONETARY=en_GB.UTF-8
                                   LC_MESSAGES=en_US.UTF-8
   [7] LC_PAPER=en_GB.UTF-8
##
                                   LC_NAME=C
                                   LC_TELEPHONE=C
##
   [9] LC_ADDRESS=C
  [11] LC_MEASUREMENT=en_GB.UTF-8 LC_IDENTIFICATION=C
## attached base packages:
## [1] stats
                 graphics grDevices utils
                                                datasets methods
                                                                    base
##
## other attached packages:
## [1] knitr 1.25
##
## loaded via a namespace (and not attached):
   [1] rstudioapi_0.13
                            magrittr_1.5
                                                 tidyselect_1.1.0
   [4] R6_2.4.0
                            rlang_0.4.10
                                                 stringr_1.4.0
  [7] dplyr_1.0.5
                            tools_3.6.3
                                                 xfun_0.20
##
## [10] DBI_1.1.0
                            htmltools_0.5.1.1
                                                 ellipsis_0.3.1
## [13] yaml_2.2.0
                            digest_0.6.27
                                                 assertthat_0.2.1
## [16] tibble_3.0.4
                            lifecycle_1.0.0
                                                 crayon_1.3.4
## [19] purrr_0.3.4
                            vctrs_0.3.7
                                                 glue_1.4.2
                            markdrive_0.0.2.900 rmarkdown_2.6
## [22] evaluate_0.14
                                                 pillar_1.4.6
## [25] stringi_1.4.3
                            compiler_3.6.3
## [28] generics_0.1.0
                            googledrive_1.0.1
                                                 pkgconfig_2.0.3
```

# 6 Referencias