

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR

FACULTAD DE INGENIERÍA

ESCUELA DE SISTEMAS Y COMPUTACIÓN



**TRABAJO PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE
INGENIERO EN SISTEMAS Y COMPUTACIÓN**

**DESARROLLO DEL PROTOTIPO DE SISTEMA WEB PARA LA
GESTIÓN DE DATOS DE INFORMACIÓN GENÉTICA
(BIOINFORMÁTICA)**

AUTOR

FERNÁNDEZ BENALCÁZAR JONATHAN XAVIER

QUITO DM, 2022 ABRIL

Dedicatoria

Este presente trabajo va dedicado a:

A mi padre y madre por todo su amor, trabajo y sacrificio brindado en todos estos años, lo cual me ha permitido llegar hasta donde me encuentro hoy en día. Es un privilegio ser su hijo, son los mejores padres que un hijo puede tener.

A mi hermano menor por estar siempre presente en los buenos y malos momentos y por brindarme apoyo moral cuando lo he necesitado. Le deseo lo mejor y que tenga éxito durante su formación como profesional de la salud.

A Daniela Quezada por haber sido un pilar clave durante los comienzos de mi vida universitaria, ya que gracias a ella pude crecer como persona dejando de ser alguien muy introvertido. Sé que las despedidas son dolorosas, pero aun así quiero rendirte un homenaje por ser una gran persona y amiga.

Agradecimientos

Cuando se inicia un proyecto o cuando se anhela aprender de lo desconocido, se pone a prueba la capacidad y esfuerzo de las personas para lograr cumplir con su objetivo. Cuando decidí poner a prueba mis capacidades al vincularme al proyecto que está en desarrollo, nunca pensé que lograría aprender cosas nuevas y cumplir con los objetivos planteados, es inevitable no pensar que esto sucedió gracias a:

A la PhD. Doris Vela quien compartió todos sus conocimientos de biología y aclaró dudas durante el desarrollo de mi trabajo de disertación.

Al Ing. Javier Córdor por sus opiniones y observaciones durante el desarrollo del sistema.

Al Ing. Jorge Alarcón por las recomendaciones y sugerencias realizadas, mismas que ayudaron a pulir mi trabajo de disertación.

Al Ing. Miguel Ortiz por compartir experiencias del mundo laboral durante mi trabajo como ayudante en el laboratorio LTIC.

A Luis Vacacela por ser un gran amigo y apoyarme en los momentos de dificultad a lo largo la carrera.

A mi grupo de estudio por todas esas madrugadas que pasamos estudiando y esos momentos inolvidables que vivimos dentro de las aulas de la universidad.

A los profesores por compartir sus conocimientos con mi persona, ya que gracias a ellos he aprendido mucho forjando mi carácter como persona y profesional.

Contenido

Capítulo 1: Introducción	8
1.1 Justificación.....	8
1.2 Antecedentes	9
1.2.1 Ácidos Nucleicos	10
1.2.2 Tipos de ARN.....	11
1.2.3 Composición de los Ácidos Nucleicos	12
1.2.4 Genomas	13
1.2.5 Secuenciación de Genomas	14
1.3 Planteamiento del Problema.....	15
1.4 Objetivos	16
1.4.1 Objetivo General.....	16
1.4.2 Objetivos Específicos	16
Capítulo 2: Metodologías.....	17
2.1 Metodologías de la Investigación.....	17
2.1.1 Tipos de Estudios en la Investigación	17
2.2 Metodologías de Desarrollo de Software	18
2.2.1 Metodologías Tradicionales	18
2.2.2 Metodologías Ágiles.....	20
Capítulo 3: Marcos de Referencia.....	25
3.1 Marco Conceptual Tecnologías de la Información	25
3.1.1 Prototipo de Software	25
3.1.2 Requerimientos Funcionales.....	25
3.1.3 Requerimientos no Funcionales.....	25
3.1.4 Sistema Web	25
3.1.5 Gestión de Datos.....	25
3.1.6 Arquitectura de Software.....	26
3.1.7 Patrones de la Arquitectura de Software	26
3.1.8 Herramientas de Desarrollo	28
3.2 Marco Conceptual Biológico	31
3.2.1 Información Genética	31
3.2.2 Bioinformática	32
Capítulo 4: Desarrollo del Sistema	33
4.1 Levantamiento de Requerimientos.....	33

4.1.1 Historia de Usuario 1 - Página Principal	33
4.1.2 Historia de Usuario 2 - Ingreso al Sistema (Administrador)	34
4.1.3 Historia de Usuario 3 - Ingreso al Sistema (Investigador)	34
4.1.4 Historia de Usuario 4 - Área de Trabajo Investigadores	35
4.1.5 Historia de Usuario 5 - Panel de Administración	36
4.1.6 Historia de Usuario 6 - Perfil Investigador.....	36
4.2 Resolución Historias de Usuario	37
4.2.1 Resolución Historia de Usuario 1 - Página Principal	38
4.2.2 Resolución Historia de Usuario 2 y 3 - Ingreso al Sistema.....	41
4.2.3 Resolución Historia de Usuario 4 - Área de Trabajo Investigadores	45
4.2.4 Resolución Historia de Usuario 5 - Panel de Administración.....	52
4.2.5 Resolución Historia de Usuario 6 - Perfil Investigador.....	61
Capítulo 5: Conclusiones y Recomendaciones	65
5.1 Conclusiones	65
5.2 Recomendaciones.....	66
Bibliografía:	67
Anexos	70

Índice de Tablas

Tabla 1. Purinas y Pirimidinas	13
Tabla 2. Tabla Comparativa Métodos de Secuenciación.....	15
Tabla 3. Características Relevantes Figura 9.....	21
Tabla 4. Historia de Usuario 1	33
Tabla 5. Historia de Usuario 2	34
Tabla 6. Historia de Usuario 3	34
Tabla 7. Historia de Usuario 4	35
Tabla 8. Historia de Usuario 5	36
Tabla 9. Historia de Usuario 6	36
Tabla 10. Funcionalidades del Sistema.....	37
Tabla 11. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 1	38
Tabla 12. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 1	40
Tabla 13. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 2	41
Tabla 14. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 3	41
Tabla 15. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 2 y 3	44
Tabla 16. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 4	45
Tabla 17. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 4	52
Tabla 18. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 5	53
Tabla 19. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 5	60
Tabla 20. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 6	61
Tabla 21. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 6	63

Tabla de Figuras

Figura 1. Representación Gráfica del ADN y ARN	11
Figura 2. Tipos de ARN.....	12
Figura 3. Estructura de los Nucleótidos.....	12
Figura 4. Bases Nitrogenadas Complementarias	13
Figura 5. Cromosomas del Genoma Humano.....	14
Figura 6. Fases Modelo Cascada	19
Figura 7. Fases Modelo Incremental.....	19
Figura 8. Marco de Trabajo Modelo Espiral.....	20
Figura 9. Funcionamiento de SCRUM	21
Figura 10. Marco de Trabajo de la Metodología XP	22
Figura 11. Modelo Vista Controlador.....	27
Figura 12. Hola Mundo en C++.....	29
Figura 13. Hola Mundo en Python.....	30
Figura 14. Diseños Web con Bootstrap	31
Figura 15. Modelo Entidad Relación	38
Figura 16. Mockup Página Principal	39
Figura 17. Diseño Final Página Principal	39
Figura 18. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 1.....	40
Figura 19. Mockup Ingreso al Sistema	42
Figura 20. Mockup Recuperación de Contraseña.....	42
Figura 21. Diseño Final Ingreso al Sistema.....	43
Figura 22. Mensaje de Credenciales No Validas	43
Figura 23. Diseño Final Recuperación de Contraseña.....	43
Figura 24. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 2 y 3.....	44
Figura 25. Mockup Área de Trabajo.....	46
Figura 26. Mockup Editar Permisos Archivo	46
Figura 27. Mockup Compartir Archivo	46
Figura 28. Mockup Creación Nueva Carpeta	47
Figura 29. Mockup Subir Archivo	47
Figura 30. Diseño Final Área de Trabajo.....	47
Figura 31. Diseño Final Editar Permisos	48
Figura 32. Mensaje Actualización de Información y Permisos	48
Figura 33. Diseño Final Compartir Archivo	48
Figura 34. Mensaje Archivo Compartido Correctamente.....	49
Figura 35. Mensaje Advertencia Archivo Compartido.....	49
Figura 36. Mensaje Error Archivo Compartido.....	49
Figura 37. Diseño Final Crear Carpeta	49
Figura 38. Mensaje Advertencia Nueva Carpeta	50
Figura 39. Mensaje Creación de Carpeta.....	50
Figura 40. Mensaje Carpeta Existente	50
Figura 41. Diseño Final Subir Archivo.....	50
Figura 42. Mensaje Archivo Subido	51
Figura 43. Mensaje Archivo Existente.....	51
Figura 44. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 4.....	51
Figura 45. Mockup Panel de Administración	53

Figura 46. Mockup Creación Nuevo Usuario	54
Figura 47. Mockup Creación Nuevo Grupo	54
Figura 48. Mockup Creación Nueva Institución.....	54
Figura 49. Mockup Asignación Grupo Secundario	55
Figura 50. Diseño Final Panel de Administración	55
Figura 51. Diseño Final Creación de Usuarios	56
Figura 52. Mensaje Contraseña Coincide	56
Figura 53. Mensaje Contraseña Diferente	57
Figura 54. Mensaje Usuario Creado	57
Figura 55. Mensaje Usuario Existente	57
Figura 56. Diseño Final Creación de Grupos.....	58
Figura 57. Mensaje Grupo Creado.....	58
Figura 58. Mensaje Grupo Existente	58
Figura 59. Diseño Final Ingreso de Instituciones	58
Figura 60. Mensaje Institución Creada	59
Figura 61. Mensaje Institución Existente.....	59
Figura 62. Diseño Final Asignación Grupo Secundario	59
Figura 63. Mensaje Asignación Grupo Secundario	59
Figura 64. Mensaje Pertenencia a Grupo	60
Figura 65. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 5.....	60
Figura 66. Mockup Perfil Investigador.....	62
Figura 67. Diseño Final Perfil de Usuario	62
Figura 68. Mensaje Información Perfil Actualizada.....	62
Figura 69. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 6.....	63

Capítulo 1: Introducción

El objetivo de este capítulo es el de servir de introducción a este trabajo de titulación. Durante su desarrollo se va a describir la justificación, los antecedentes, el planteamiento del problema, objetivo general y objetivos específicos.

1.1 Justificación

El genoma de un organismo está constituido por el contenido de ADN¹ en sus células, pues este guarda y transmite la información genética de todos los seres vivos. Esta información se encuentra organizada a través de los genes², cuya expresión requiere de la transcripción³ de ADN para la síntesis del ARN⁴ y posteriormente la traducción para la síntesis de proteínas.

Además de los genes, el genoma contiene varios elementos como secuencias no codificantes, secuencias repetitivas, secuencias intergenéticas, etc. Motivo por lo cual, el estudio del ADN requiere de herramientas que faciliten los análisis de las diferentes regiones genómicas.

Las técnicas actuales para la secuenciación de genomas completos permiten obtener grandes volúmenes de datos (secuencias nucleotídicas de ADN) los cuales son almacenados en archivos planos de texto, siendo los más utilizados el formato FASTA⁵ o GenBank. Donde cada uno de estos archivos posee un tamaño variable yendo desde kilobytes a gigabytes dependiendo del tamaño del genoma de cada organismo.

Debido a los grandes volúmenes de información que se generan, surge la necesidad de procesarlos haciendo uso de algoritmos informáticos que permitan analizar todo tipo de muestras con el fin de aportar conocimientos a investigaciones en genómica, transcriptómica, proteómica e interactómica.

A pesar de estos avances no se cuenta con sistemas consistentes que administren información y manejen algoritmos de búsqueda o comparación eficaces para datos de secuencias nucleotídicas, lo cual es una necesidad para los investigadores en genética.

Por estas razones, el objetivo de este trabajo es desarrollar un sistema que permita la gestión de investigadores y la administración, almacenamiento y clasificación de información genética

¹ ADN: Ácido desoxirribonucleico.

² Genes: Son segmentos de ADN que contienen material genético.

³ Transcripción: Proceso por el cual se genera una copia de ARN a partir de la secuencia de un gen.

⁴ ARN: Ácido ribonucleico.

⁵ FASTA: Es un formato de fichero informático basado en texto, utilizado para representar secuencias de ADN.

en la web. Mediante una interfaz amigable que facilite el manejo de información y operaciones que se realizarán entre la base de datos y el servidor.

1.2 Antecedentes

Los primeros indicios de investigación sobre el ADN se encuentran en torno a 1953 cuando el físico Francis Crick y el biólogo James Watson propusieron el modelo de la doble hélice para explicar la estructura del ADN. Siendo este uno de los eventos más importantes para la ciencia, ya que permitió generar gran cantidad de información y con ello la aparición de herramientas computacionales que hicieron posible el análisis y la resolución de interrogantes que ya estaban planteados en la estructura del ADN (Franco et al., 2008).

En la década de los 60, el crecimiento exponencial de información referente a proteínas obligó a los científicos a combinar técnicas de la biología molecular con las matemáticas y computadores para afrontar los desafíos que estaban por venir (Franco et al., 2008).

A partir de la década de los 70, aparecen nuevas técnicas para la secuenciación de ADN y proteínas, dando como resultado grandes volúmenes de información almacenados en bancos de datos. Sin embargo, esto presentaba un inconveniente para los científicos al momento de querer acceder a la información de un determinado gen, por lo que se optó por la creación de algoritmos con el fin de catalogar y comparar secuencias. Una de las exponentes más importantes de esta época fue la doctora Margaret Oakley Dayhoff quien diseñó los primeros métodos computacionales para la comparación y almacenamiento de secuencias de proteínas.

Para la década de los 80, la doctora Dayhoff crea el primer repositorio con secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, el cual podía ser accedido por usuarios externos mediante vía telefónica. Este aporte generó interés entre la comunidad de científicos llevando a la creación de un sistema centralizado de datos (GenBank) donde los investigadores de todo el mundo pueden registrar, comparar y compartir la información resultante de sus estudios, de forma que se evite la duplicación de datos y se contribuya con conocimiento (Barreto Hernández, 2002).

A finales de los 80 e inicios de los 90, gracias al mejoramiento instrumental de equipos secuenciadores, desarrollo de nuevos proyectos de secuenciación de genomas y la aparición del internet se empieza a crear sistemas de almacenamiento más eficientes, modelos de comparación de secuencias efectivos y algoritmos confiables como es el caso del BLAST y FASTA. Permitiendo almacenar y catalogar secuencias de ADN y proteínas con mayor rapidez, además de realizar comparaciones entre secuencias de interés y las almacenadas en biobancos.

A mediados de la década de los 90, la bioinformática se caracteriza por la utilización de bases de datos primarias las cuales contenían información experimental en gran escala perteneciente a áreas de genómica y proteómica, lo que permitió entender las funciones de los genes y proteínas (Franco et al., 2008).

Cabe destacar que el término de base de datos desde el punto de vista biológico es mejor relacionarlo con los biobancos, los cuales son establecimientos que recogen y almacenan información de material biológico en archivos. Lo cual dista mucho del concepto que se maneja en TI⁶, en donde se dice que una BDD⁷ es un conjunto de tablas relacionadas que están diseñadas desde su estructura de campos, tablas, relaciones y dependencia funcional.

A inicios del siglo XXI se comienza a manejar bases secundarias llamadas también bases de conocimiento porque contienen el conocimiento biológico acumulado necesario para comprender el funcionamiento y la utilidad en todos los niveles de organización de un ser vivo (Franco et al., 2008).

Gracias a los conocimientos e información recopilada a través de los años ha permitido a la bioinformática incursionar en otros campos como es el caso de la medicina, agricultura, ganadería, entre otros. Generando cada vez más desafíos para las personas involucradas en esta área del conocimiento, exigiendo la formación de profesionales que no solo tengan conocimientos informáticos, sino también biológicos para de esta manera desarrollar algoritmos informáticos especializados y herramientas eficientes acorde las nuevas técnicas de secuenciación de genomas y análisis de grandes volúmenes de información genética.

Para comprender el fundamento de la secuenciación de genomas, a continuación se presenta varios tópicos relacionados con el tema.

1.2.1 Ácidos Nucleicos

Son llamados así porque en un principio fueron localizados en el núcleo celular, son un tipo importante de macromoléculas que contienen material genético de los organismos y son necesarios para el almacenamiento y la expresión de la información genética (Salazar et al., 2013).

Los ácidos nucleicos guardan la información genética y permiten la síntesis de proteínas para el funcionamiento de los organismos. Mientras el ácido desoxirribonucleico protege la

⁶ TI: Tecnología de la información.

⁷ BDD: Base de datos.

información y mantiene intacto el código genético, el ácido ribonucleico se encarga de transportar la información genética para la síntesis de proteínas.

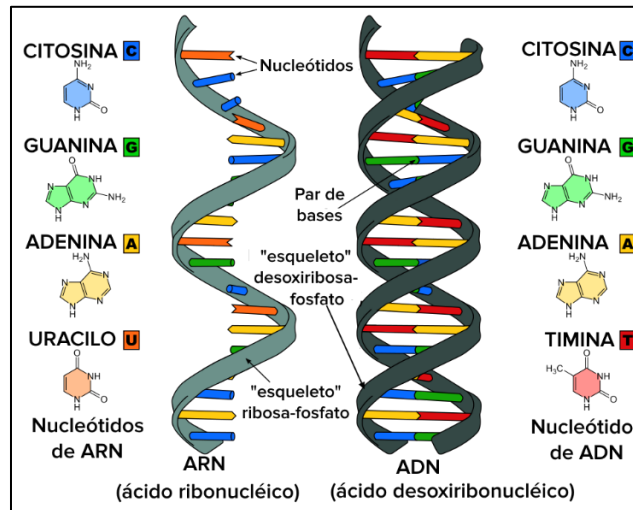


Figura 1. Representación Gráfica del ADN y ARN (Khan Academy, 2020)

Se conocen cuatro tipos principales de ARN, tres de los cuales participan en el proceso de la síntesis de proteína y el cuarto tipo participa en la regulación epigenética de la expresión génica.

1.2.2 Tipos de ARN

ARN Mensajero (ARNm)

Las moléculas de ARNm, también son llamadas transcritos, pues estas son portadoras de la información genética contenida en el ADN. Además, sirven de molde para la síntesis de proteínas en el proceso de traducción, ya que contienen el código genético para la formación de uno o varios péptidos (González Muñoz et al., 2017).

ARN Ribosomal (ARNr)

Los ARNr son las principales moléculas que forman parte de los ribosomas. Estas moléculas no portan información, es decir, no son codificantes; no obstante, son fundamentales para la síntesis de las proteínas, catalizando los enlaces peptídicos que componen una proteína (González Muñoz et al., 2017).

ARN de Transferencia (ARNt)

Los ARNt son moléculas pequeñas de cadena sencilla, transcritas a partir de los genes de ADNt en el núcleo o en la mitocondria, estas a su vez son similares al ARNr ya que no son codificantes, sino que cumplen variadas funciones en la célula (González Muñoz et al., 2017).

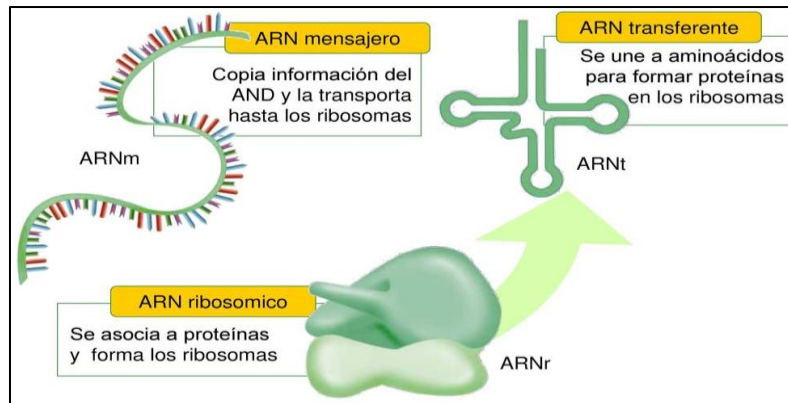


Figura 2. Tipos de ARN (Jiménez, 2018)

1.2.3 Composición de los Ácidos Nucleicos

La unidad básica de los ácidos nucleicos es el nucleótido, el cual es una molécula compuesta por tres partes las cuales se las puede observar en la Figura 3.

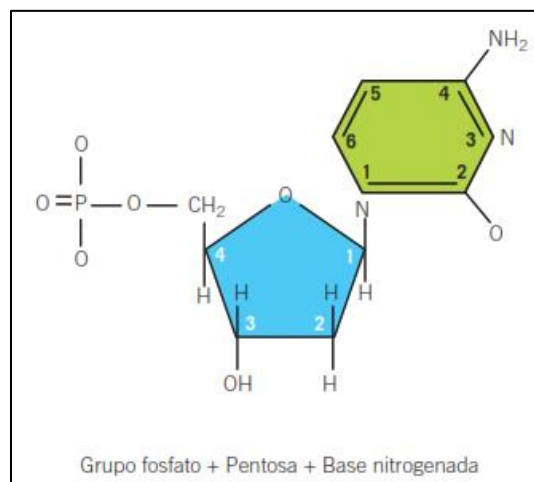


Figura 3. Estructura de los Nucleótidos (Salazar et al., 2013)

Bases Nitrogenadas

Son compuestos orgánicos cíclicos que contienen información genética y se encargan de darle especificidad y el carácter básico a los ácidos nucleicos. Estas se encuentran divididas en dos grupos las purinas y pirimidinas (Burriel, 2009). Cada una de las purinas y pirimidinas usadas por el ADN y ARN se encuentran especificadas en la Tabla 1.

	ADN	ARN
Purinas	Adenina (A)	Adenina (A)
	Guanina (G)	Guanina (G)
Pirimidinas	Timina (T)	Citosina (C)
	Citosina (C)	Uracilo (U)

Tabla 1. Purinas y Pirimidinas (Fernández, 2022)

Algo importante a destacar de las bases nitrogenadas es que son complementarias entre sí, es decir forman pares de tal manera que para el ADN la adenina y timina son complementarias ($A = T$), al igual que la guanina y la citosina ($G = C$). Por otro lado, el ARN al no contar con la timina, la complementariedad se establece entre la adenina y el uracilo ($A = U$) (Gálvez, 2009).

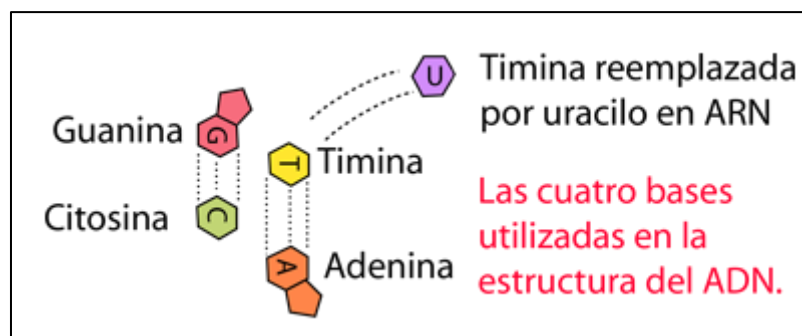


Figura 4. Bases Nitrogenadas Complementarias (Olmo & Nave, 2013)

Pentosa

Es un monosacárido cuya estructura incluye cinco átomos de carbono, los cuales desempeñan una función estructural dentro de los ácidos nucleicos. En el ARN está presente la pentosa D-ribosa y en el ADN la D-desoxirribosa (Salazar et al., 2013).

Grupo fosfato

Es una molécula formada por un átomo de fósforo unido a cuatro de oxígeno, este grupo de átomos adquiere el nombre de grupo fosfato cuando se encuentra unido a cualquier molécula que contenga carbono (Briceño, 2020).

1.2.4 Genomas

“El genoma es el conjunto del material hereditario de un organismo, la secuencia de nucleótidos que especifican las instrucciones genéticas para el desarrollo y funcionamiento del mismo y que son transmitidas de generación en generación” (González, 2002).

El genoma al ser un depósito de información conserva todos los cambios realizados en el material genético a lo largo del tiempo de cada una de las especies que existen, lo que ha permitido la supervivencia y adaptación de cada una de ellas hasta la actualidad.

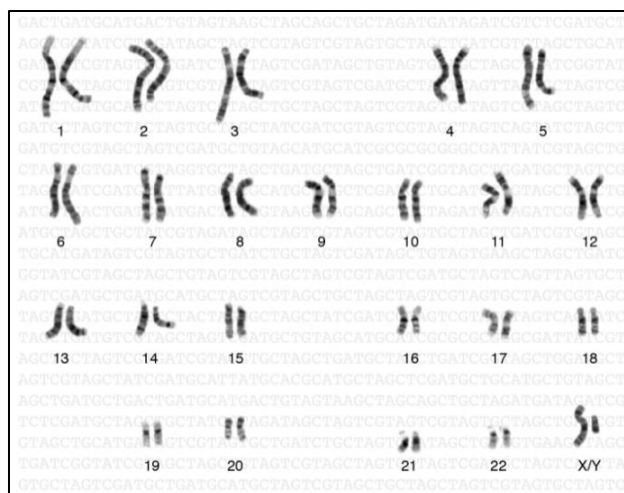


Figura 5. Cromosomas del Genoma Humano (National Human Genome Research Institute, 2016b)

1.2.5 Secuenciación de Genomas

La secuenciación de genomas es el proceso que determina la secuencia nucleotídica de un fragmento o una molécula de ADN a través de las bases de los nucleótidos (Aguilar-Bultet & Falquet, 2015).

Dado los continuos avances científicos y tecnológicos se han desarrollado diferentes métodos que permiten determinar la secuencia de nucleótidos del ADN de cualquier organismo, los cuales presentan diferentes tasas de error, variación en rendimientos y resultados. A continuación, se detallan en la Tabla 2 las técnicas de secuenciación más relevantes.

Gen	Técnica	Características	ADN Molde	Longitud de Lectura	Método de Secuenciación
1 ^{ra}	Método de Sanger	<ul style="list-style-type: none"> • Secuenciación de genes individuales. • Secuenciar hasta 96 muestras. • Identificación de patógenos. • Análisis de fragmentos. • Análisis de microsatélites. 	Molécula única	1 kb	Polimerasa

Gen	Técnica	Características	ADN Molde	Longitud de Lectura	Método de Secuenciación
2 ^{da}	Illumina – GA II	<ul style="list-style-type: none"> • Capacidad de extremo emparejamiento de inserción corta para la secuenciación del genoma de alta resolución. • Lecturas de extremo emparejado de inserción larga para un ensamblaje de secuencia eficiente. 	PCR por emulsión	35 pb	Polimerasa (Terminadores reversibles)
3 ^{ra}	Oxford Nanopore	<ul style="list-style-type: none"> • Se analiza el ADN de forma directa al empujarlo a través de un poro suspendido en una membrana. • Los nucleótidos o letras que componen el ADN se diferencian debido a los cambios de corriente eléctrica que se producen durante su paso por la membrana. 	Molécula única	100 kb	Nanoporos exonucleasa - acoplados

Tabla 2. Tabla Comparativa Métodos de Secuenciación (Vazquez, 2018)

1.3 Planteamiento del Problema

El campo de la bioinformática se encuentra creciendo de manera exponencial, dando como resultado el incremento de nuevas oportunidades laborales. Sin embargo, la carencia de profesionales se debe a que es un área de investigación interdisciplinar que requiere conocimientos en: ciencias de la computación y ciencias biológicas. Lo cual ha limitado el desarrollo de proyectos de investigación de genómica, análisis de datos biológicos y aportaciones científicas.

Parte de los esfuerzos de investigación en bioinformática están enfocados a la búsqueda e integración de datos de diferentes fuentes, los cuales están almacenados en bancos de datos públicos y privados. Donde cada investigador genera su propia información en archivos de tipo fasta o genbank que posteriormente son almacenados en servidores Linux.

Este proyecto consta de dos fases, la primera donde se busca facilitar el manejo y administración de archivos resultantes de la secuenciación de cadenas de ADN y la segunda

que busca la implementación de algoritmos informáticos especializados que faciliten el análisis de secuencias almacenadas en archivos planos de texto.

Para el desarrollo de este trabajo de titulación nos vamos a enfocar en la primera fase, la cual consta de la creación de un prototipo de sistema web que permite a cada investigador almacenar, descargar, administrar y compartir sus archivos provenientes de secuenciaciones.

Con respecto al desarrollo de la segunda fase, esta debería centrarse en los algoritmos utilizados para la secuenciación y procesamiento de cadenas de ADN. Además de las herramientas computacionales que pueden facilitar el análisis de los archivos resultantes de la secuenciación de genomas.

1.4 Objetivos

1.4.1 Objetivo General

Desarrollar un prototipo de sistema de información web para el almacenamiento y administración de archivos resultantes de la secuenciación de genomas.

1.4.2 Objetivos Específicos

- Definir la información teórica y técnica de los procesos de secuenciación de genomas.
- Definir la metodología, herramientas y tecnología que se aplicará para la automatización de procesos.
- Desarrollar un prototipo funcional de sistema web para la administración de un repositorio de bases biológicas y de la información proveniente de investigaciones relacionadas.
- Implementar herramientas computacionales que faciliten la comunicación y envío de información entre el sistema y el servidor.

Capítulo 2: Metodologías

En el presente capítulo se va a describir los tipos de estudio utilizados en investigaciones y las metodologías de desarrollo de software aplicadas en la producción de aplicaciones o sistemas informáticos.

2.1 Metodologías de la Investigación

Dada la intriga y necesidad de las personas de aprender de lo desconocido, la metodología de la investigación se ha encargado de definir, construir y validar los métodos necesarios para la obtención de nuevos conocimientos y creación de proyectos. De tal forma que estos fundamentos nos sirven de guía metodológica y didáctica al momento de construir nuestros documentos y desarrollar nuestras investigaciones.

2.1.1 Tipos de Estudios en la Investigación

Exploratorios

Los estudios exploratorios se los realiza cuando el objetivo es investigar un tema que nunca se ha estudiado, aquel que no cuenta con mucha información o que nunca ha sido motivo de estudio (Cortés & Iglesias, 2004).

Para este trabajo de titulación se realizó estudios exploratorios con el fin de adquirir conocimientos y tener una primera aproximación a la biología molecular y bioinformática, mediante lectura, investigación y asistencia a conferencias relacionadas al tema.

Descriptivos

Los estudios descriptivos buscan especificar las características, propiedades y rasgos más importantes de un determinado grupo de personas o cualquier otro fenómeno que sea sujeto a análisis (Cortés & Iglesias, 2004).

Como segunda parte de la investigación se realizará estudios descriptivos con el fin de enunciar las características con la que cuenta el producto y las herramientas utilizadas para el desarrollo de este.

Correlacionales

Los estudios correlacionales son aquellos que buscan evaluar la relación que hay entre dos o más individuos, categorías, conceptos o variables que sean sujetos a investigación (Cortés & Iglesias, 2004). Este tipo de estudios se emplea generalmente con el objetivo de comparar, analizar y evaluar los resultados obtenidos de los individuos o variables de estudio.

Explicativos

Los estudios explicativos tienen como propósito el responder a las causas de los eventos, sucesos y fenómenos físicos o sociales que se desarrollan en nuestro entorno. Dejando a un lado la definición de conceptos o descripción de fenómenos (Cortés & Iglesias, 2004).

2.2 Metodologías de Desarrollo de Software

La metodología de desarrollo es una de las etapas específicas que se realiza durante la ejecución de un proyecto o la elaboración de un trabajo, lo cual conlleva a la selección de métodos o técnicas concretas con el fin de alcanzar y cumplir con los objetivos establecidos (Maida & Pacienza, 2015).

Para desarrollar un software de calidad es necesario tomar en cuenta cualquier metodología de desarrollo que nos permita especificar los requerimientos del cliente, diseñar, construir y probar el producto. Independientemente de estos factores existen varios métodos de desarrollo que se basan en el tamaño del proyecto, el número de desarrolladores involucrados, tiempos y costos.

Dentro de estas metodologías de desarrollo podemos destacar las tradicionales y ágiles, mismas que han sido utilizadas a lo largo de los años y han servido para el desarrollo de aplicaciones y sistemas.

2.2.1 Metodologías Tradicionales

Tal como su nombre lo dice son aquellas que se han usado toda la vida, estas buscan aplicar disciplina al proceso de desarrollo para garantizar el cumplimiento de un plan de proyecto y de esta manera volverlo predecible. Dando como resultado un proceso secuencial de una sola dirección y sin marcha atrás (Demera, 2021).

En este tipo de metodologías la recopilación de requisitos por parte del cliente solamente se lo realiza una sola vez al inicio del proyecto, de tal manera que se debe ser muy riguroso al momento de tomar nota de los mismos y acordarlos con la parte interesada. Ya que se espera que estos no cambien una vez iniciado el proyecto, algunas de las metodologías más usadas se las va a detallar a continuación.

Cascada

Fue un modelo propuesto por Winston W. Royce en 1970, siendo uno de los modelos más antiguos y simples, por el hecho de que sigue una secuencia lineal, donde cada etapa no puede iniciar si no se termina la etapa previa que está en desarrollo. Lo cual representa un inconveniente si se presentan atrasos en las entregas o en el peor de los casos si se detecta un

error de codificación, llevando necesariamente a un proceso de rediseño y modificación del código, aumentando los costos de desarrollo y tiempo.

Las fases empleadas por el modelo en cascada se las puede observar en la Figura 6.

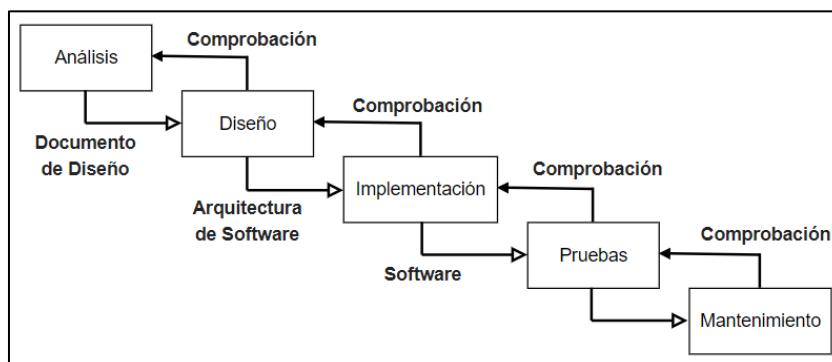


Figura 6. Fases Modelo Cascada (Fernández, 2022)

Incremental

Este modelo tiene similitudes con el modelo en cascada, ya que comparte ciertos elementos en común, con la única diferencia que este maneja pequeños prototipos los cuales son presentados al cliente para su respectiva retroalimentación y críticas. La idea de realizar pequeños prototipos es irlos mejorando a través de diferentes versiones hasta que se tenga un producto adecuado acorde las necesidades del cliente.

En la Figura 7 se puede observar las fases y marco de trabajo que maneja el modelo incremental.

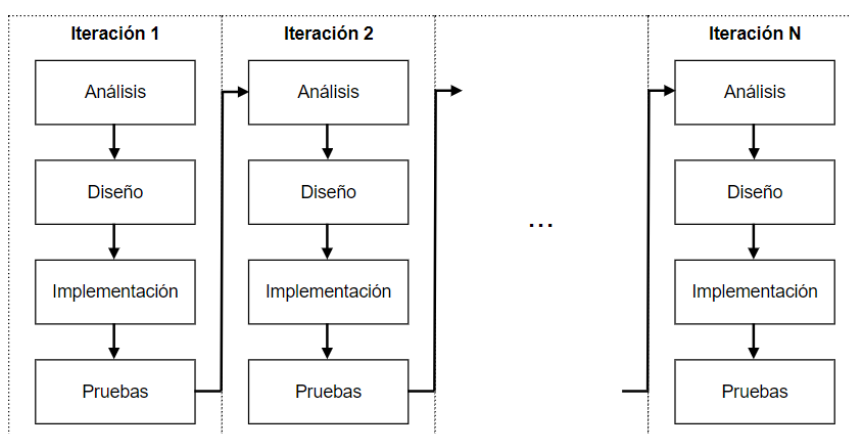


Figura 7. Fases Modelo Incremental (Fernández, 2022)

Espiral

Fue un modelo propuesto por Barry Boehm en 1986, que al igual que el modelo incremental este consiste en la presentación de prototipos al cliente a través de reuniones constantes, con el

objetivo de que se pueda evidenciar las implementaciones solicitadas por el mismo y ver que se estén cumpliendo con los requisitos establecidos.

Se dice que este es un modelo difícil de vender, ya que es costoso de implementar y demanda de mucha experiencia para evaluar riesgos y ser capaz de controlarlos cuando estos se presenten. Por este motivo las actividades que se efectúan en cada fase no tienen ninguna prioridad, es decir que estas se eligen en función del análisis de riesgo.

Las actividades del modelo espiral se las va realizando desde el interior del bucle, tal como se lo puede observar en la Figura 8.

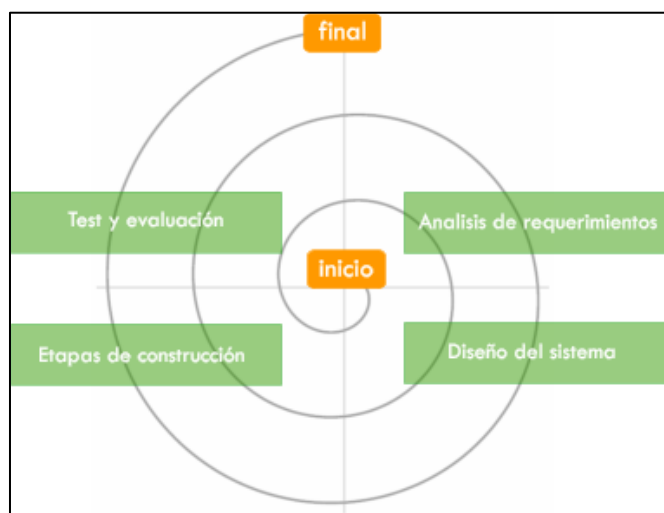


Figura 8. Marco de Trabajo Modelo Espiral (Tecsolt, 2019)

2.2.2 Metodologías Ágiles

Son aquellas que se caracterizan por ser flexibles y adaptativas, lo cual nos indica que la capacidad de respuesta a un cambio es más importante que el seguimiento estricto de un plan, de tal forma que los imprevistos son eventos esperados durante el desarrollo de nuestro producto (Demera, 2021).

Algo que podemos destacar del uso de este tipo de metodología es que los clientes y usuarios son una parte fundamental del desarrollo, ya que estos participan continuamente y están involucrados con el proyecto aportando retroalimentaciones, lo cual garantiza que se atiendan las necesidades a tiempo y se mejore la satisfacción de los mismos.

A continuación se describen algunas metodologías ágiles utilizadas en el desarrollo de aplicaciones.

SCRUM

Esta metodología está enfocada al trabajo en equipo y diseñada para anticiparse a los cambios repentinos y repetitivos que se presentan en el desarrollo de un proyecto. Además de fundamentarse en la fácil documentación y en la relación directa entre el cliente y el grupo de trabajo; aquí cada entrega de prototipos se lo realiza de manera parcial mediante reuniones directas con el cliente y la revisión de los resultados por parte del equipo de desarrollo se los realiza a través de sprints⁸.

El funcionamiento del modelo de SCRUM se lo puede ver en la Figura 9 y en la Tabla 3 se detallan las características más relevantes de la misma.

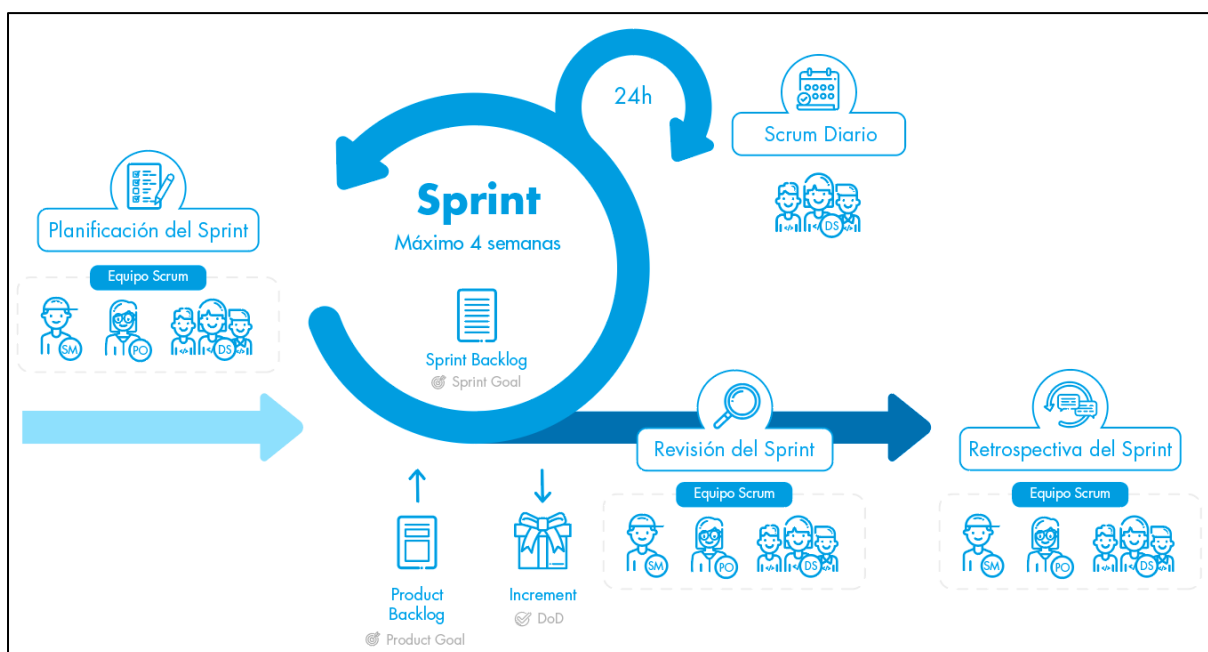


Figura 9. Funcionamiento de SCRUM (Rodríguez, 2020)

Objeto	Descripción
Scrum Master (SM)	Responsable de controlar y manejar el proyecto SCRUM.
Product Owner (PO)	Responsable de maximizar el valor del producto.
Developers (DS)	Equipo de trabajo encargado del desarrollo del producto.
Product Backlog	Lista completa de todas las tareas que se ejecutarán en el proyecto.
Sprint backlog	Lista de tareas que se ejecutará y que no están finalizadas.

Tabla 3. Características Relevantes Figura 9 (Fernández, 2022)

⁸ Sprint: Número de iteraciones que vamos a tener dentro del proyecto.

Extreme Programming (XP)

Es una metodología ágil y flexible cuyo objetivo es mejorar la calidad del software y la capacidad de respuesta al cambio de requerimientos por parte del cliente. Esta se centra en crear un ambiente de trabajo óptimo, fomentar el trabajo en equipo y en el aprendizaje continuo; mediante las retroalimentaciones hechas por el cliente al equipo de desarrollo (Calvo, 2018).

Características relevantes del desarrollo con XP:

- Mantener un control e historial de versiones, impidiendo el uso de versiones antiguas de un proyecto.
- Todos los miembros del equipo de trabajo pueden realizar modificaciones al código existente, ya que el contenido forma parte de una propiedad colectiva.
- Lograr que el equipo de trabajo sea constante, evitando la sobrecarga de tareas a pesar de los retrasos que se puedan presentar.

Etapas de desarrollo del XP

Extreme programming se maneja bajo cinco etapas: planeación, diseño, codificación, pruebas y lanzamiento. En la Figura 10 se puede observar cada una de estas etapas y las tareas claves que se desarrolla en cada una.

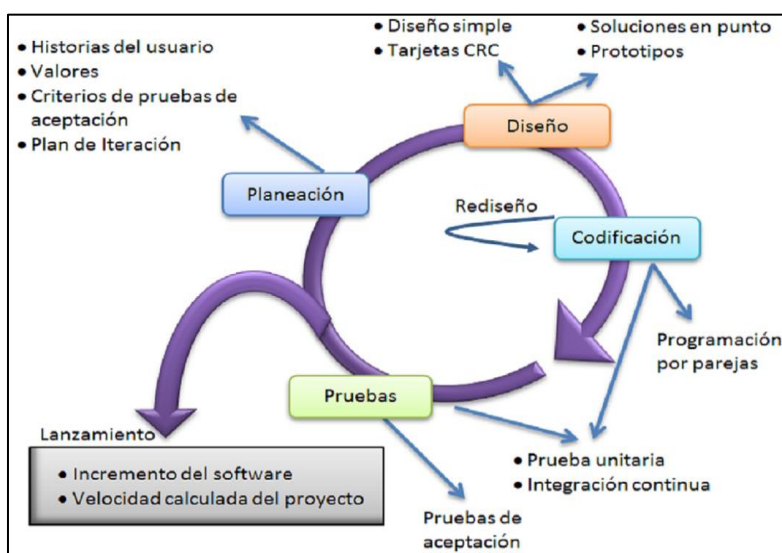


Figura 10. Marco de Trabajo de la Metodología XP (López, 2015)

Planeación

Esta actividad inicia escuchando las necesidades de los clientes para entender el contexto del negocio y definir las principales características y funcionalidades con las que va a contar el

sistema, posteriormente estas características se ven especificadas en las historias de usuario⁹ (Alveiro Gómez, 2012).

Una vez se establece las historias de usuario, el equipo de desarrollo comienza con la división de trabajo, estimación de tiempo y recursos, la generación de un plan de entrega e iteraciones de desarrollo.

Diseño

Es la etapa donde se evalúan las historias de usuario por parte del equipo de desarrollo para dividir las en tareas, en donde cada una de estas representará una característica distinta del sistema.

Al tener identificadas las tareas estas se las presenta a través de tarjetas CRC¹⁰, mismas que nos permiten identificar y organizar las iteraciones con las cuales se va a empezar a trabajar. En cada una de las tarjetas CRC¹¹ se hace constar el nombre de la clase a la que pertenece, las historias de usuario a las que representa, los métodos asociados a la clase y las listas de clases con las que se relaciona (Alveiro Gómez, 2012).

Codificación

Durante el desarrollo de esta etapa es necesario que el cliente esté presente mientras se desarrolla el producto, para que de esta manera se pueda solventar cualquier duda que se presente y evitar inconvenientes y/o funcionalidades no deseadas.

XP propone ciertos estándares de codificación, mismos que permiten tener un código limpio y de fácil recodificación. Esta metodología a su vez sugiere realizar pruebas unitarias, para evitar posibles errores e inconvenientes que afecten el desarrollo de un proyecto.

Pruebas

En este punto es donde se ejecutan pruebas de integración, validación y aceptación, para cada uno de los módulos pertenecientes al sistema en desarrollo. Aquí se comprueba cada uno de los métodos y clases perteneciente a la misma. Facilitando la detección temprana de errores y verificar el correcto funcionamiento de los módulos.

En el caso de encontrar algún error dentro del proyecto este debe ser corregido de manera inmediata y a su vez se debe implementar medidas para evitar errores posteriores.

⁹ Historias de usuario: Son tarjetas utilizadas para definir las características del producto en desarrollo.

¹⁰ CRC: Clase – Responsabilidad – Colaborador.

¹¹ Tarjetas CRC: Son una herramienta usada como metodología para el diseño de software orientado a objetos.

Al estar al frente de un proyecto con pocos desarrolladores y frecuente intervención del cliente se va a hacer uso de la metodología ágil extreme programming para el desarrollo del sistema, ya que gracias a esta se va a poder verificar si se está cumpliendo con los requisitos establecidos mediante la entrega de pequeños prototipos y aprobaciones del cliente.

Capítulo 3: Marcos de Referencia

En el presente capítulo se va a describir todos los conceptos fundamentales y necesarios para el entendimiento de este trabajo de titulación. Abarcando aspectos técnicos los cuales nos van a permitir establecer la arquitectura y herramientas de trabajo que se usarán en el desarrollo del producto.

3.1 Marco Conceptual Tecnologías de la Información

3.1.2 Prototipo de Software

Un prototipo de software puede definirse como “un modelo del comportamiento del sistema que puede ser usado para entenderlo completamente o ciertos aspectos de él y así clarificar los requerimientos” (IDEAUNO, 2014). Generalmente, los prototipos que se realizan proceden de la recopilación y entendimiento de los requerimientos funcionales y no funcionales proporcionados por el cliente, dando como resultado una representación parcial o final de las características con las que cuenta o va a contar el sistema a desarrollar.

3.1.2 Requerimientos Funcionales

Son todas aquellas descripciones de los servicios con los que debe contar el sistema, la manera en la cual va a reaccionar frente a ciertas entradas y de cómo debe actuar frente a situaciones particulares (Sommerville, 2005).

3.1.3 Requerimientos no Funcionales

Hacen referencia a las características propias del sistema, restricciones de los servicios o funciones ofrecidas por el mismo. Además de incluir restricciones sobre el proceso de desarrollo y estándares a seguir (Sommerville, 2005).

3.1.4 Sistema Web

Son aplicaciones parecidas a las páginas web, que se pueden encontrar alojados en servidores externos o en una intranet. La principal diferencia es que estos trabajan con bases de datos lo cual permite procesar y mostrar información de forma dinámica. Además de ofrecer funcionalidades más dinámicas y potentes que brindan respuestas a casos particulares.

3.1.5 Gestión de Datos

La gestión de datos “es una colección completa de prácticas, conceptos, procedimientos, procesos y una amplia gama de sistemas complementarios que permiten a una organización obtener el control de sus recursos de datos” (Tecnologías Información, 2019). Este tipo práctica

se la realiza desde la creación de datos hasta el final de su ciclo de vida, es decir se mantiene un control riguroso de los cambios y modificaciones en la información a través del tiempo.

3.1.6 Arquitectura de Software

Cuando hablamos de la arquitectura de software hacemos referencia a todos aquellos métodos que se utilizan para el diseño de diferentes funcionalidades de un sistema de manera ágil y óptima. Sin embargo, si queremos tener una definición exacta de su concepto no lo podemos hacer; debido a la existencia de ideas comunes y criterios complementarios hechos de un autor a otro. Aunque podemos hacer una excepción con la definición que propone el Instituto de Ingeniería de Software (SEI), ya que suele ser la más aceptada:

“La arquitectura de software de un sistema representa las decisiones de diseño relacionadas con la estructura y el comportamiento general del sistema” (Software Engineering Institute, 2021).

Una vez entendido esto podemos decir que la arquitectura de software es la conexión en los requerimientos del sistema y las técnicas que se aplican para una implementación eficiente y acorde a las necesidades del usuario.

3.1.7 Patrones de la Arquitectura de Software

Los patrones de software son una norma establecida que permite la reutilización de diseño y arquitectura, mediante propiedades bien definidas, estructuras estáticas y soluciones dinámicas a errores. Dicho de otra manera son un conjunto de decisiones de diseño basados en la intuición y experiencia que permiten orientar el desarrollo a un contexto específico enfocado en la reutilización.

Según Mark Richards autor del libro “Software Architecture Patterns” existen 5 patrones principales de la arquitectura de software, los cuales son los siguientes:

- Microkernel
- Microservicios
- Arquitectura en capas
- Arquitectura basada en eventos
- Arquitectura basada en el espacio

Para el desarrollo del sistema se optó por hacer uso de la arquitectura basada en 3 capas o también llamada “Modelo Vista Controlador”, debido a que esta nos va a permitir tener el

código bien organizado y entendible para los desarrolladores. En la Figura 11 se puede observar de manera resumida la función que cumple cada capa dentro de este patrón de desarrollo de software.

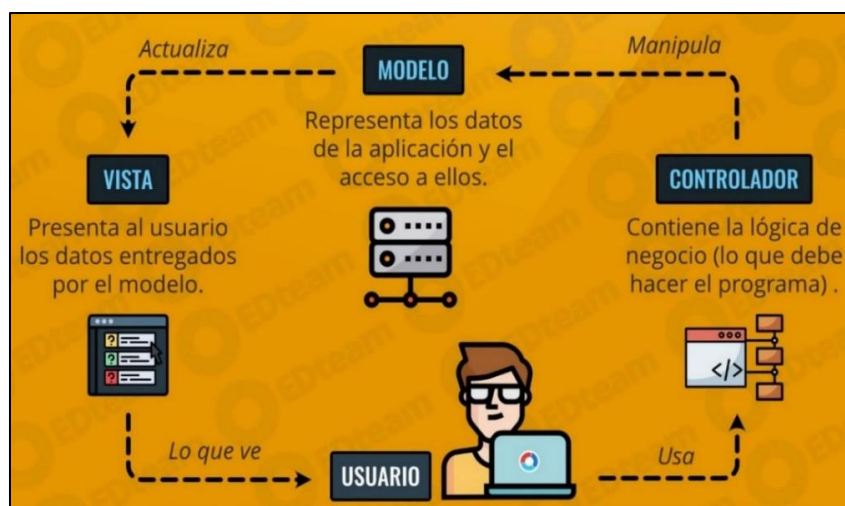


Figura 11. Modelo Vista Controlador (EDteam, 2020)

La ventaja de utilizar este paradigma es la programación independiente entre cada capa, mejor mantenimiento de módulos, conexión en tiempo de ejecución, implementación de nuevas funcionalidades, entre otras (Y. Fernández & González, 2012).

Modelo

Es el encargado de manejar, controlar y gestionar los datos de la aplicación, motivo por el cual no maneja la conexión entre las demás capas (Y. Fernández & González, 2012). De tal manera que esta accede a la información almacenada en las bases de datos y notifica a las vistas de los cambios realizados en los mismos.

Vista

La vista es la encargada de manejar la interfaz gráfica de nuestra aplicación, permitiéndonos ver los datos del modelo una vez el usuario interactúe con los componentes de esta o el controlador realice cambios en los datos. Esta capa interactúa directamente con la capa del controlador y más no con la del modelo.

Controlador

Es la capa que le da significado a las órdenes proporcionadas por el usuario, mediante funciones que obtienen datos o que actúan con los mismos a modo de parámetros para su manipulación (Y. Fernández & González, 2012). Esta capa se centra en la interacción entre la vista y el modelo de nuestra aplicación.

3.1.8 Herramientas de Desarrollo

Base de Datos

Una base de datos se la puede definir como “un conjunto de datos almacenados en memoria externa que están organizados mediante una estructura de datos. Cada base de datos ha sido diseñada para satisfacer los requisitos de información de una empresa u otro tipo de organización” (Marqués, 2011).

Esto quiere decir que la información se encuentra almacenada en una colección de datos y está interrelacionada con el contexto en la que se la maneja, por ende esta puede ser compartida y visualizada mediante programas o aplicaciones que administran estos datos.

Sistema de Gestión de Base de Datos

El sistema gestor de base de datos o SGBD “es una aplicación que permite a los usuarios definir, crear y mantener la base de datos, además de proporcionar un acceso controlado a la misma” (Marqués, 2011). Estos sistemas se encuentran diseñados principalmente para poder administrar, describir, recuperar y manipular información con seguridad desde un entorno gráfico intuitivo con el usuario.

Ya que existe gran cantidad de SGBD en el mercado, los cuales cuentan con sus propios aspectos técnicos y características no podemos nombrarlos de uno en uno. Sin embargo, se puede destacar las funciones más comunes que estos manejan:

- Garantizar la integridad de los ficheros.
- Utilización de un lenguaje de programación mediante el cual se pueda interactuar con la información.
- Proporcionar un diccionario de datos.
- Gestionar transacciones y solucionar conflictos derivados de accesos concurrentes a la información.
- Realizar backups de la información.
- Manejo de mecanismos de seguridad

El sistema gestor de base de datos escogido para el desarrollo del sistema es MySQL, ya que cumple con todas las funciones antes mencionadas y cuenta con una licencia GPL de uso libre.

MySQL

MySQL es un sistema gestor de base de datos muy usado y conocido alrededor del mundo, por su simplicidad de uso y considerable rendimiento. No obstante este carece de algunas

características disponibles en otros SGBD, aunque esto parezca una limitación es una opción viable para el desarrollo de aplicaciones comerciales o de entretenimiento por su facilidad de utilización (Casillas et al., 2017).

Lenguajes de Programación

Un lenguaje de programación es un conjunto de órdenes o comandos que describen un proceso, dicho de otro modo son las instrucciones que se le proporciona a un computador para que efectúe una tarea específica transformando el lenguaje natural a lenguaje de máquina.

Hoy en día existe gran cantidad de lenguajes de programación, los cuales han sido producto de la evolución de la tecnología a lo largo del tiempo, llevando a algunos de ellos a dejar de ser utilizados ya sea por su complejidad o su falta de adaptación. Hablando del siglo XXI vivimos en una época donde manejamos lenguajes enfocados al cálculo matemático, diseño de interfaces, desarrollo de aplicaciones o incluso a la inteligencia artificial.

Para este caso haremos uso del lenguaje de programación de Python el cual nos va a permitir desarrollar nuestro sistema y a futuro implementar nuevas funcionalidades o algoritmos gracias a su amplia cantidad de librerías y documentación existente.

Python

Python fue creado por Guido van Rossum a finales de la década de los 80, siendo este un lenguaje de alto nivel que se destaca por tener un código simple y sencillo, de fácil entendimiento lo cual permite realizar tareas complejas en pocas líneas de código (Challenger et al., 2014).

Para comprender lo sencillo que es aprender este lenguaje de programación vamos a hacer uso de la línea de código más común que existe de cuando recién aprendemos a programar el “Hello World” o “Hola Mundo”.

En la Figura 12 podemos observar cómo se imprime la frase antes mencionada en el lenguaje de programación C++.

```
#include <iostream>
using namespace std;
int main()
{
    cout << "Hello World" <<
endl;
    return 0;
}
```

Figura 12. Hola Mundo en C++ (Challenger et al., 2014)

Ahora en la Figura 13 se observa como Python requiere de menos líneas de código para realizar el mismo trabajo.

```
print "Hello World"
```

Figura 13. Hola Mundo en Python (Challenger et al., 2014)

Esto no quiere decir que Python es el mejor lenguaje de programación sobre otros, caso contrario es uno de los lenguajes recomendados para principiantes o gente que quiere incursionar en este arte de la programación.

Las razones por la que es famoso entre este grupo de personas son gracias a:

- Su fácil entendimiento y sintaxis que maneja
- Curva de aprendizaje es medianamente difícil
- Cuenta con gran variedad de librerías y documentación
- Es de código abierto, lo que permite su uso comercial o personal

Para personas con experiencia en este lenguaje la manera de sacarle provecho a nuestros proyectos desarrollados en Python es con el uso de frameworks, los cuales permiten integrar nuevas funcionalidades y personalizar nuestro proyecto.

Framework

Un framework es una herramienta de desarrollo de software, la cual se encuentra compuesta de componentes personalizables y configurables que se ajustan a las necesidades del desarrollador. Permittiéndonos agregar o quitar piezas según nuestro producto lo requiera, simplificando el desarrollo y evolución del mismo (Gutiérrez, 2014).

Por lo que podemos concluir que los frameworks nos sirven de plantillas de desarrollo, facilitando la elaboración de tareas y permitiendo tener un código limpio y eficiente; dando como resultado la reducción de tiempo de desarrollo y entrega de proyectos.

Para el desarrollo de la interfaz gráfica de la aplicación se hará uso del framework de Bootstrap, debió a que este nos permite manejar estilos personalizados de HTML y CSS; a su vez para el manejo de MVC se hará uso de Flask un microframework de Python.

Flask

“Flask es un Microframework de Python que está basado en Werkzeug, Jinja 2 y buenas intenciones. Mediante Flask podemos construir aplicaciones web y servicios Restful con Python de una forma extraordinariamente sencilla” (Manual Web, 2018). Al ser un

microframework cada desarrollador puede elegir que componentes agregar o usar, de tal modo que tenemos aplicaciones ligeras y enfocadas a lo que busca el cliente.

Bootstrap

Bootstrap es un conjunto de herramientas de código abierto para desarrollos web con HTML, CSS y JavaScript. Esta es una excelente herramienta que permite crear interfaces de usuario limpias y totalmente adaptables a todo tipo de dispositivos y pantallas, sea cual sea su tamaño (Suárez, 2020).

Esta herramienta al igual que HTML nos permite implementar diferentes componentes como:

- Ventanas Modales
- Formularios
- Botones
- Alertas
- Menús

Dando como resultado una gran variedad de diseños para el maquetado de nuestra página o sistema web, tal como se puede ver en la Figura 14.

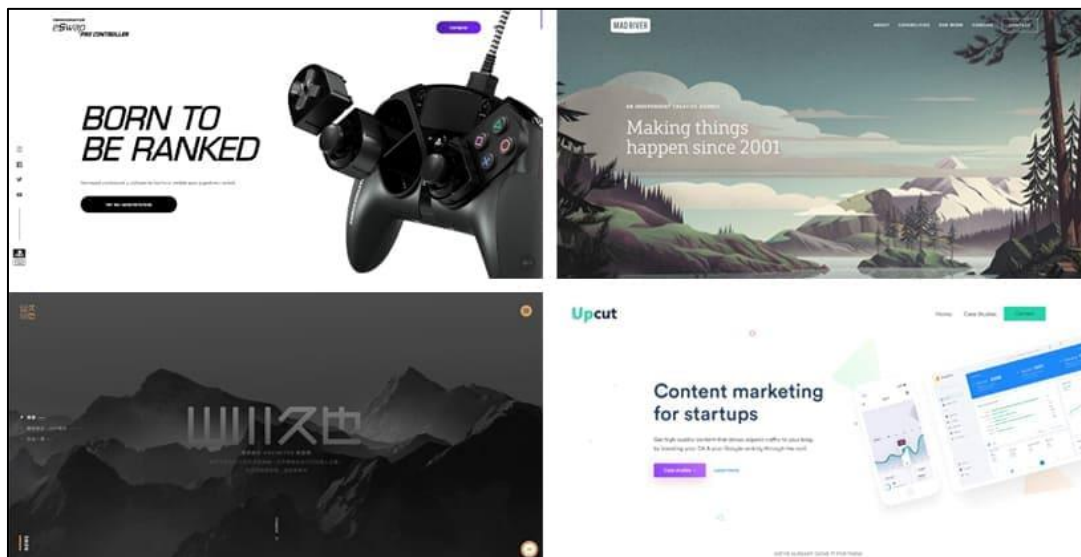


Figura 14. Diseños Web con Bootstrap (Suárez, 2020)

3.2 Marco Conceptual Biológico

3.2.1 Información Genética

Cuando nos referimos a información genética, hacemos referencia a la información que se encuentra almacenada en el ADN y está organizada en los genes, los cuales al expresarse

producen el fenotipo o lo que es lo mismo las características bioquímicas, físicas y fisiológicas que los individuos de una especie transmiten a su descendencia (Raffino, 2020).

3.2.2 Bioinformática

Se puede definir a la bioinformática como “una subdisciplina de la biología y las ciencias computacionales que se encarga de adquirir, almacenar, analizar y diseminar la información biológica, en gran parte correspondiente a las secuencias de ADN y aminoácidos” (National Human Genome Research Institute, 2016a).

Capítulo 4: Desarrollo del Sistema

En el presente capítulo se va a realizar el levantamiento de requerimientos y el desarrollo de las diferentes iteraciones para la construcción del sistema web. Tomando en cuenta el ciclo de vida que maneja la metodología XP.

4.1 Levantamiento de Requerimientos

Para el levantamiento de requerimientos se lo realizó en conjunto con la PhD. Doris Vela quien es una de las principales involucradas en este proyecto y encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador.

Con el fin de sintetizar toda la información proporcionada por el cliente se hizo uso de las historias de usuario, mismas que fueron construidas mediante varias reuniones donde se iba recopilando información de los roles, requerimientos funcionales y no funcionales.

Después de llegar a un acuerdo con el cliente se estableció que los roles principales con los que se va a manejar el sistema van a ser: el rol de administrador, el rol de investigador y el usuario visualizador. Y en base a esto se estableció las siguientes historias de usuario:

4.1.1 Historia de Usuario 1 - Página Principal

Historia de Usuario			
Número:	1	Nombre:	Página Principal
Rol:	Usuario visualizador		
Característica:	Necesito acceder a la página principal y revisar la información general relacionada al proyecto.		
Razón:	Con la finalidad de conocer las actividades y personas involucradas		

Tabla 4. Historia de Usuario 1 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 4, se dice que como un usuario visualizador se necesita ver el contenido de la página principal, para de esta manera conocer la información general del proyecto en desarrollo.

Para el diseño de la página principal es necesario que esta se encuentre dividida en tres secciones:

1. Que indique las facultades que se encuentran trabajando en el proyecto.
2. Los organismos con los que se encuentran en estudio.
3. Indique las personas involucradas en el proyecto.

4.1.2 Historia de Usuario 2 - Ingreso al Sistema (Administrador)

Historia de Usuario			
Número:	2	Nombre:	Ingreso al Sistema
Rol:	Administrador		
Característica:	Necesito acceder al panel de administración del sistema		
Razón:	Con la finalidad de controlar y administrar usuarios, grupos e instituciones		

Tabla 5. Historia de Usuario 2 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 5, se dice que como administrador se necesita acceder al panel de administración del sistema, con la finalidad de poder controlar los usuarios, grupos e instituciones que se encuentran registrados en el sistema.

Para el ingreso al sistema es necesario tomar en cuenta dos cosas:

1. Debe existir un formulario de ingreso donde se solicite el usuario y contraseña.
2. Un apartado donde se pueda recuperar la contraseña en caso de que el usuario la haya olvidado.

4.1.3 Historia de Usuario 3 - Ingreso al Sistema (Investigador)

Historia de Usuario			
Número:	3	Nombre:	Ingreso al Sistema
Rol:	Investigador		
Característica:	Necesito acceder al área de trabajo		
Razón:	Con la finalidad de administrar y trabajar con la información que se tiene almacenada en el servidor		

Tabla 6. Historia de Usuario 3 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 6, se dice que como investigador se necesita acceder al área de trabajo del sistema, con la finalidad de poder administrar y manipular la información almacenada en el servidor.

Al igual que la Historia de Usuario 2, esta toma en cuenta los formularios de ingreso y recuperación de contraseña.

4.1.4 Historia de Usuario 4 - Área de Trabajo Investigadores

Historia de Usuario			
Número:	4	Nombre:	Área de Trabajo Investigadores
Rol:	Investigador		
Característica:	Necesito utilizar al área de trabajo		
Razón:	Con la finalidad de acceder a los archivos almacenados en el servidor y trabajar con los mismos		

Tabla 7. Historia de Usuario 4 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 7, se dice que como investigador se necesita utilizar el área de trabajo con la finalidad de poder acceder a los archivos almacenados en el servidor y poder trabajar con los mismos. Permitiéndome crear carpetas, subir, descargar y compartir archivos, además de modificar permisos e información de estos.

Para la creación de carpetas es necesario que los nombres de las mismas, no cuenten con espacios, ya que esto crea un conflicto con el servidor y puede presentar resultados no esperados.

En la parte de subida de archivos se debe tener en cuenta que estos pueden ser subidos a cualquier carpeta existente o nueva.

Para compartir un archivo con otro investigador es necesario que este pertenezca al mismo grupo de trabajo, en caso de no serlo no se puede compartir los archivos.

Para la modificación de archivos se debe visualizar el nombre del archivo, descripción, número de descargas y las opciones de si el archivo es privado y sí la descarga está habilitada. Tomando en cuenta que solo se puede modificar la descripción y los permisos.

4.1.5 Historia de Usuario 5 - Panel de Administración

Historia de Usuario			
Número:	5	Nombre:	Panel de Administración
Rol:	Administrador		
Característica:	Necesito utilizar al panel de administración del sistema		
Razón:	Con la finalidad de ingresar nuevos usuarios, administrar grupos e instituciones		

Tabla 8. Historia de Usuario 5 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 8, se dice que como administrador se necesita utilizar el panel de administración del sistema, con la finalidad de poder agregar nuevos usuarios, ingresar grupos e instituciones. Además de poder asignar nuevos grupos de trabajo a investigadores existentes.

Para la parte de agregar usuarios se debe tomar en cuenta los siguientes campos: nombres y apellidos del investigador; institución, número de identificación, correo institucional, usuario con el que va a ingresar al sistema y por último una contraseña; misma que debe ser verificada para poder crear un nuevo usuario.

Para ingresar grupos nuevos es necesario el ingreso de nombre y descripción, de igual manera para el ingreso de instituciones con la única diferencia de que esta debe tener la opción de seleccionar ciudad.

4.1.6 Historia de Usuario 6 - Perfil Investigador

Historia de Usuario			
Número:	6	Nombre:	Perfil Investigador
Rol:	Investigador		
Característica:	Necesito visualizar mi información de usuario		
Razón:	Con la finalidad de actualizar la información de perfil		

Tabla 9. Historia de Usuario 6 (Fernández, 2022)

Como se puede observar en la Tabla 9, se dice que como investigador se necesita ver la información de usuario, con la finalidad de actualizar el perfil profesional de cada investigador.

Para modificar la información se debe visualizar el nombre completo del investigador, la institución a la que pertenece, el correo institucional, el tipo de usuario, url de perfil de investigador, un campo para resumen hoja de vida y la foto de perfil. Tomando en cuenta que solo se puede modificar el url de perfil, el resumen de hoja de vida y la foto de perfil.

4.2 Resolución Historias de Usuario

Una vez entendido los requerimientos, comentarios y sugerencias del cliente se estableció las funcionalidades principales con las que va a contar el sistema y las cuales se va a desarrollar, las funcionalidades se las puede ver especificadas en la Tabla 10.

Funcionalidades
F0. Página Principal
F1. Ingreso al Sistema
F2. Gestión de Investigadores
F3. Gestión de Grupos Investigadores
F4. Gestión de Instituciones
F5. Gestión de Carpetas
F6. Gestión de Archivos
F7. Perfil de Usuario

Tabla 10. Funcionalidades del Sistema (Fernández, 2022)

Para la creación del script de la base de datos, modelo lógico y físico se usó la versión de prueba del programa llamado “PowerDesigner”, el script perteneciente a la base de datos se lo puede ver en el apartado de anexos.

En la Figura 15 se presenta una parte del modelo entidad relación, donde se puede ver lo que es la base del sistema en desarrollo. En este modelo se tiene varias entidades las cuales representan los objetos y personas involucradas, de los cuales podemos destacar a los investigadores quienes cuentan con un amplio grupo de atributos para la creación de perfil de usuario y profesional y por último el contenido; mismo que hace referencia a las carpetas y archivos pertenecientes al investigador y que pueden ser compartidos con otros investigadores.

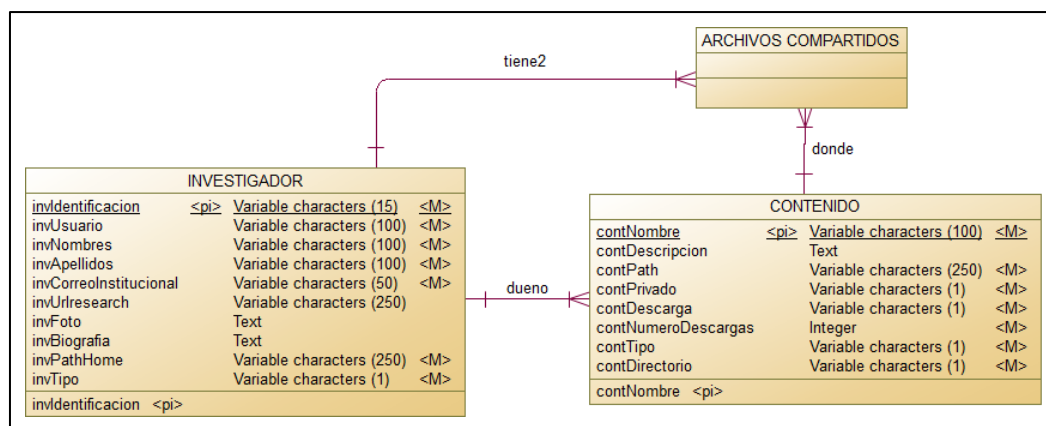


Figura 15. Modelo Entidad Relación (Fernández, 2022)

El modelo completo de entidad relación se encuentra adjunto como anexo al presente trabajo de titulación.

4.2.1 Resolución Historia de Usuario 1 - Página Principal

Primera Iteración

Acorde lo descrito en la Historia de Usuario 1, se estableció los siguientes criterios de aceptación para el desarrollo de esta primera iteración:

Criterios de Aceptación - Usuario Visualizador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Facultad y Escuela	Se debe cargar la información e imágenes relacionadas con la facultad y escuela.	Cuando se ingrese a la página principal.	Se carga las imágenes y texto, que informan al usuario sobre la facultad y escuela.
2	Principales organismos con los que trabajamos	Se debe cargar la información e imágenes relacionadas con el organismo en estudio.	Al desplazarse hacia debajo de la página.	Al bajar se carga las imágenes e información relacionada con el organismo en estudio.
3	Conoce a Nuestros Investigadores	Se debe cargar la información, imagen y logo.	Al desplazarse al final de la página.	Se mostrará la imagen, logo e información.

Tabla 11. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 1 (Fernández, 2022)

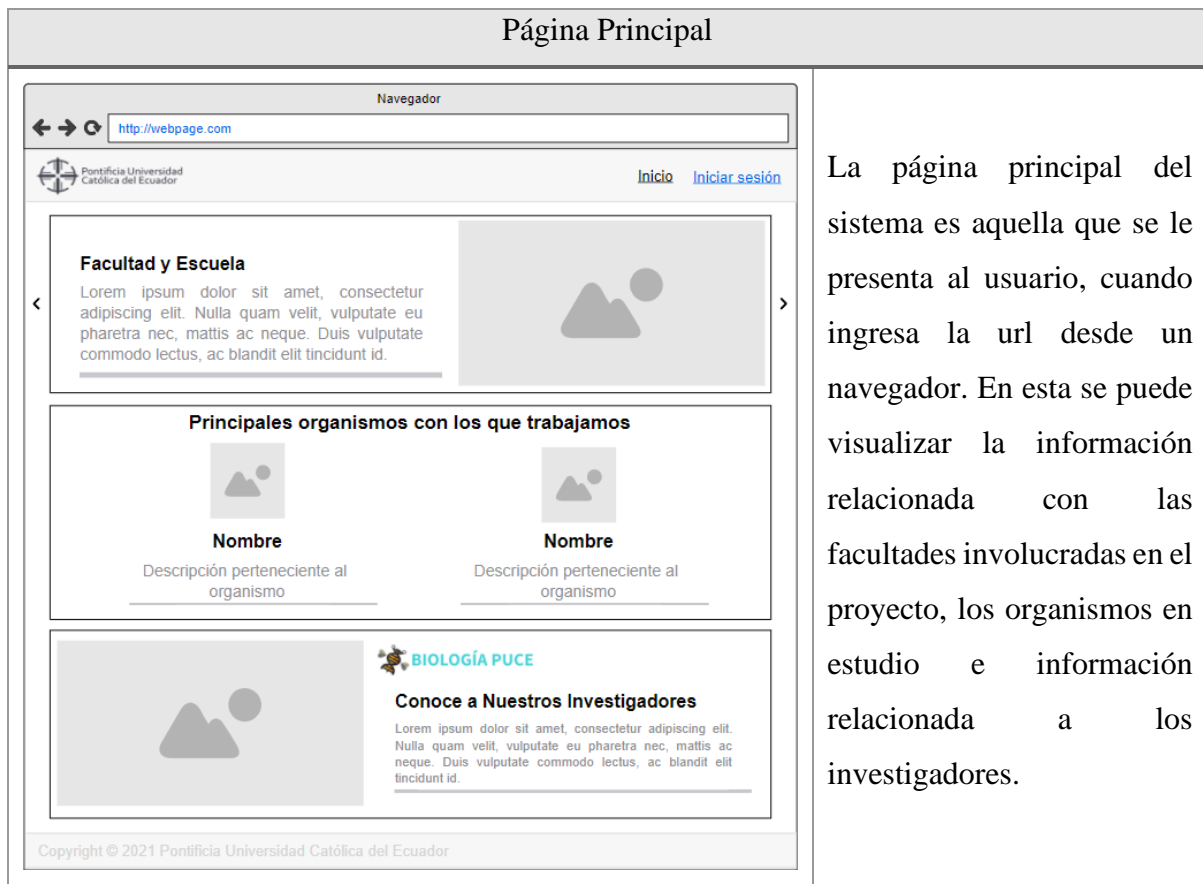
Plan de iteración:

- Definir el estilo y diseño de la página principal del sistema.
- Desarrollar la página principal.
- Establecer pruebas unitarias y de aceptación por parte del usuario.

Tiempo:

- El tiempo estimado de desarrollo va a ser de 2 a 4 días.

Descripción Interfaz de Usuario



La página principal del sistema es aquella que se le presenta al usuario, cuando ingresa la url desde un navegador. En esta se puede visualizar la información relacionada con las facultades involucradas en el proyecto, los organismos en estudio e información relacionada a los investigadores.

Figura 16. Mockup Página Principal (Fernández, 2022)

Diseño Final



Figura 17. Diseño Final Página Principal (Fernández, 2022)

Como se presenta en la Figura 17, la página principal muestra todas las especificaciones realizadas por el cliente, acorde a los criterios de aceptación pertenecientes a la Historia de Usuario 1.

Pruebas

Prueba de Aceptación	
Número:	1
Historia de usuario:	1
Evaluador: Doris Vela	
Nombre de la prueba: Experiencia del usuario	
Descripción: Se va a evaluar la experiencia del usuario para identificar cambios o correcciones en la página principal.	
Condiciones de ejecución: El usuario debe tener conexión a internet.	
Entrada / Pasos de ejecución: El usuario desde un navegador debe ingresar a la dirección web del sistema.	
Resultado esperado: Se carga la estructura y contenido.	
Evaluación de la prueba:	<ul style="list-style-type: none"> → Cambiar logotipo por uno que diga PUCE → La opción de inicio ubicarla en la parte izquierda. → La parte de organismos cambiar el nombre a drosophila y la descripción del mismo.

Figura 18. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 1 (Fernández, 2022)

Prueba de Aceptación - Historia Usuario 1			
Número de Escenario	Aprueba	Completo	Evaluador
1	Si	100%	Doris Vela
2	Si	100%	Doris Vela
3	Si	100%	Doris Vela

Tabla 12. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 1 (Fernández, 2022)

Tal como se describe en la Figura 18 y en la Tabla 12, el evaluador fue la encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas (PhD. Doris Vela), quien

verificó que se cumplan con los requerimientos y que el producto esté conforme a las necesidades descritas.

Para más detalle se adjunta como anexo el documento Aceptación Usuario.

4.2.2 Resolución Historia de Usuario 2 y 3 - Ingreso al Sistema

Segunda Iteración

Acorde lo descrito en la Historia de Usuario 2 y 3, se estableció los siguientes criterios de aceptación para el desarrollo de esta segunda iteración:

Criterios de Aceptación - Administrador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Usuario	Debe poder ingresar con su usuario.	Cuando se ingrese las credenciales en pantalla.	Se verificará la información y se mostrará el panel de administración con todas las opciones disponibles.
2	Contraseña	Debe poder ingresar su contraseña.		
3	Olvido su contraseña	Se debe enviar un correo que permita recuperar o actualizar la contraseña.	Cuando se seleccione la opción de olvido su contraseña.	Se mostrará una página donde se pedirá el correo vinculado al usuario.

Tabla 13. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 2 (Fernández, 2022)

Criterios de Aceptación - Investigador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Usuario	Debe poder ingresar con su usuario.	Cuando se ingrese las credenciales en pantalla.	Se verificará la información y se mostrará el área de trabajo con todas las opciones disponibles.
2	Contraseña	Debe poder ingresar su contraseña.		
3	Olvido su contraseña	Se debe enviar un correo que permita recuperar o actualizar la contraseña.	Cuando se seleccione la opción de olvido su contraseña.	Se mostrará una página donde se pedirá el correo vinculado al usuario.

Tabla 14. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 3 (Fernández, 2022)

Plan de iteración:

- Definir el diseño del formulario de ingreso y recuperación de contraseña del sistema.
- Desarrollar los formularios de ingreso y recuperación.
- Implementar el ingreso al sistema.
- Establecer pruebas unitarias y de aceptación por parte del usuario.

Tiempo:

- El tiempo estimado de desarrollo va a ser de 2 a 4 días.

Descripción Interfaz de Usuario


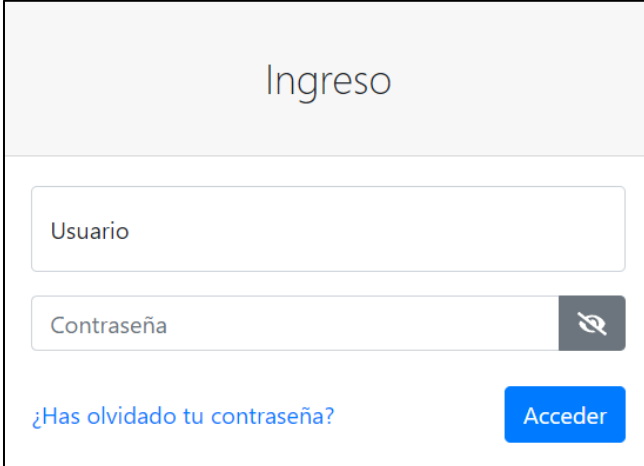
Ingreso al Sistema	
	<p>El formulario de ingreso es aquel que se le presenta al usuario, cuando desea acceder al área de trabajo o panel administrativo. En este se puede visualizar los campos de usuario y contraseña, además del acceso a recuperación en caso de haberla olvidado.</p>

Figura 19. Mockup Ingreso al Sistema (Fernández, 2022)

Recuperación de Contraseña	
	<p>El formulario de recuperación es aquel que se le presenta al usuario, cuando desea recuperar la contraseña olvidada. En este se puede visualizar el campo de email, mismo que servirá para comprobar la coincidencia de este y si se encuentra registrado en el sistema.</p>

Figura 20. Mockup Recuperación de Contraseña (Fernández, 2022)

Diseño Final



Ingreso

Usuario

Contraseña

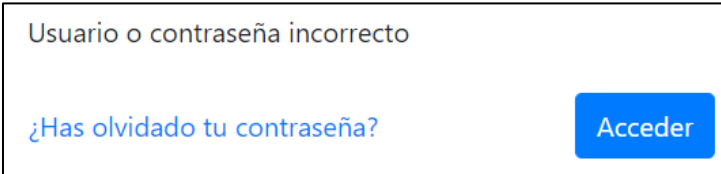
[¿Has olvidado tu contraseña?](#)

Acceder

Figura 21. Diseño Final Ingreso al Sistema (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 21, el formulario de ingreso al sistema presenta los campos necesarios para la autenticación de los usuarios, además de permitir el acceso al formulario de recuperación de contraseña.

En caso de que el usuario y/o contraseña sean incorrectos o no se encuentren registrados en el sistema, este mostrará un mensaje el cual nos indica el error que existe en las credenciales proporcionadas. Tal como se lo puede ver en la Figura 22.



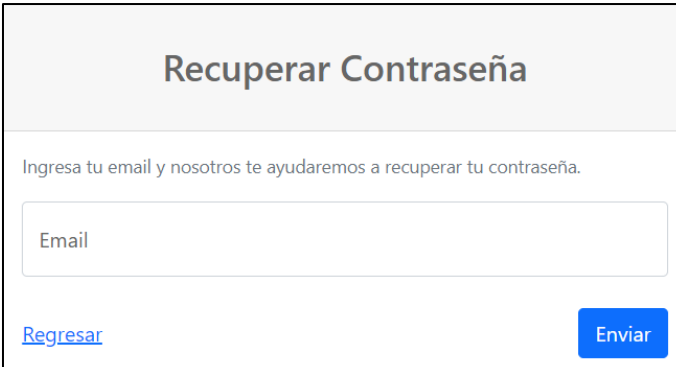
Usuario o contraseña incorrecto

[¿Has olvidado tu contraseña?](#)

Acceder

Figura 22. Mensaje de Credenciales No Validas (Fernández, 2022)

Cuando se accede al formulario de recuperación de contraseña tal como se muestra en la Figura 23, este presenta el campo donde se le solicita al usuario que ingrese su correo electrónico para proceder a la recuperación.



Recuperar Contraseña

Ingresa tu email y nosotros te ayudaremos a recuperar tu contraseña.

Email

[Regresar](#)

Enviar

Figura 23. Diseño Final Recuperación de Contraseña (Fernández, 2022)

Pruebas

Prueba de Aceptación	
Número:	2
Historia de usuario:	2, 3
Evaluador: Doris Vela	
Nombre de la prueba: Ingreso al sistema	
Descripción: Evaluar el correcto inicio de sesión e ingreso al sistema	
Condiciones de ejecución: → El usuario debe tener conexión a internet. → Se debe contar con un usuario registrado y con credenciales validas.	
Entrada / Pasos de ejecución: El usuario desde un navegador debe ingresar las credenciales proporcionadas.	
Resultado esperado: Se carga el área de trabajo del investigador o el panel de administración.	
Evaluación de la prueba:	No existe observaciones respecto al ingreso al sistema.

Figura 24. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 2 y 3 (Fernández, 2022)

Prueba de Aceptación - Historia Usuario 2 y 3			
Número de Escenario	Aprueba	Completo	Evaluador
1	Si	100%	Doris Vela
2	Si	100%	Doris Vela
3	Si	100%	Doris Vela

Tabla 15. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 2 y 3 (Fernández, 2022)

Tal como se describe en la Figura 24 y en la Tabla 15, el evaluador fue la encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas (PhD. Doris Vela), quien verificó que se cumplan con los requerimientos y que el producto esté conforme a las necesidades descritas.

Para más detalle se adjunta como anexo el documento Aceptación Usuario.

4.2.3 Resolución Historia de Usuario 4 - Área de Trabajo Investigadores

Tercera Iteración

Acorde lo descrito en la Historia de Usuario 4, se estableció los siguientes criterios de aceptación para el desarrollo de esta segunda iteración:

Criterios de Aceptación - Investigador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Ingreso al sistema	Se debe cargar el contenido, imágenes e iconos. Una vez se conceda el acceso al sistema.	Cuando se valida las credenciales ingresadas al iniciar sesión.	Se mostrará el área de trabajo con todas las herramientas disponibles.
2	Carpetas de trabajo	Se debe cargar las carpetas pertenecientes al investigador.	Cuando se seleccione la opción de carpetas personales.	Se mostrará las carpetas pertenecientes al investigador en el área de trabajo.
3	Archivos de trabajo	Se debe cargar los archivos pertenecientes a dicho investigador y a los cuales tiene acceso.	Cuando se seleccione abrir carpeta o archivos compartidos.	Se mostrará los archivos disponibles en el área de trabajo.
4	Editar permisos	Se debe poder cambiar los permisos de visualización y descarga de carpetas y archivos.	Cuando se de click sobre la opción de editar.	Se mostrará una ventana donde el usuario podrá actualizar los permisos.
5	Compartir	Se necesita que el investigador comparta archivos con otros investigadores.	Cuando se de click sobre la opción de compartir.	Se mostrará una ventana donde el usuario podrá elegir con que investigador va a compartir el archivo.
6	Descargar	Se debe poder descargar archivos pertenecientes al investigador.	Cuando se de click sobre la opción de descargar.	Se descargará el archivo en el ordenador del usuario.
7	Subir Archivo	Se debe poder subir nuevos archivos.	Cuando se de click sobre la opción de subir.	Se mostrará una ventana donde el usuario podrá subir el archivo.
8	Crear Carpeta	Se debe poder crear nuevas carpetas.	Cuando se de click sobre la opción de nueva carpeta.	Se creará una nueva carpeta en el servidor.
9	Cerrar sesión	Se necesita cerrar la sesión una vez terminado el trabajo del usuario.	Cuando se de click sobre la opción de salir.	Se cerrará la sesión y se redigirá a la página principal.

Tabla 16. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 4 (Fernández, 2022)

Plan de iteración:

- Definir el diseño del panel y área de trabajo.
- Desarrollar el panel y área de trabajo del investigador.
- Establecer pruebas unitarias y de aceptación por parte del usuario.

Tiempo:

- El tiempo estimado de desarrollo va a ser de 5 a 7 días.

Descripción Interfaz de Usuario

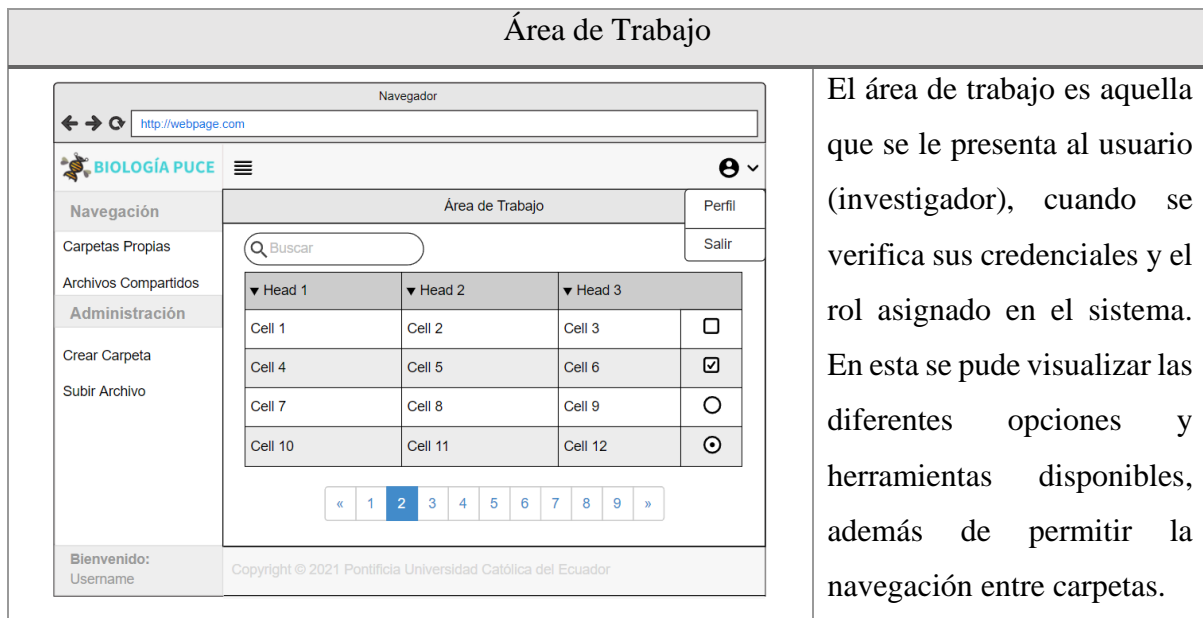


Figura 25. Mockup Área de Trabajo (Fernández, 2022)

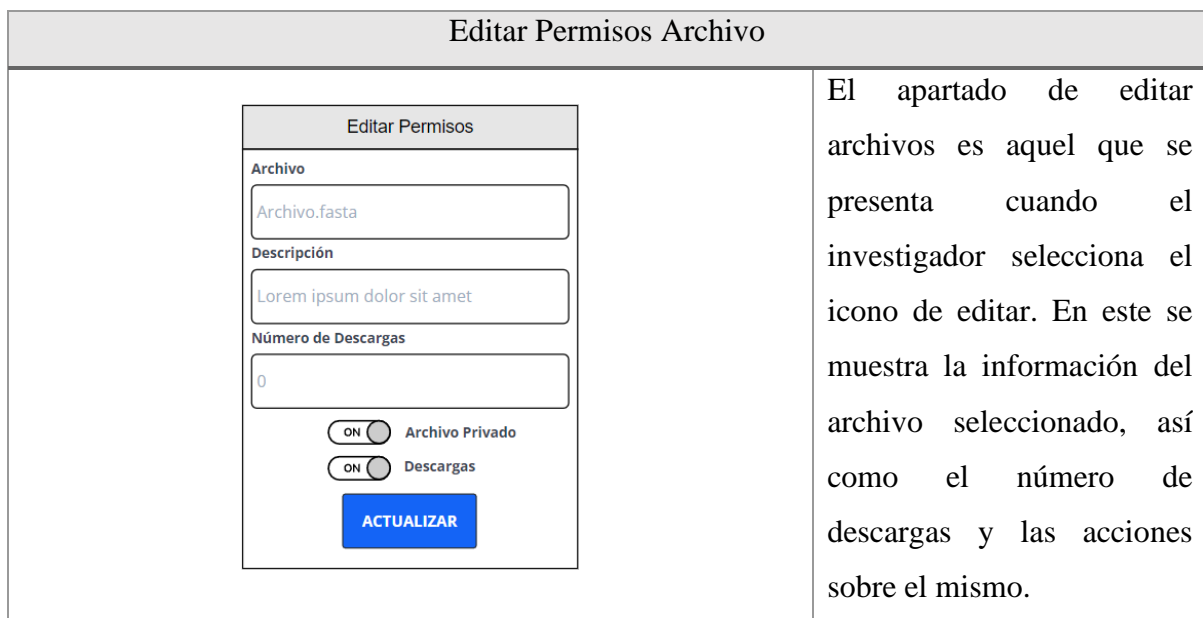


Figura 26. Mockup Editar Permisos Archivo (Fernández, 2022)



Figura 27. Mockup Compartir Archivo (Fernández, 2022)

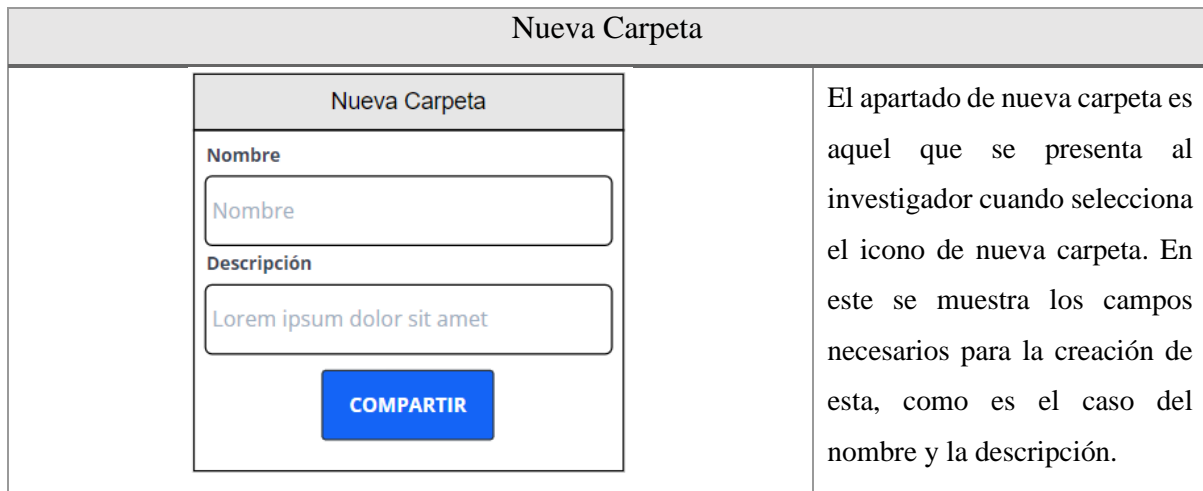


Figura 28. Mockup Creación Nueva Carpeta (Fernández, 2022)



Figura 29. Mockup Subir Archivo (Fernández, 2022)

Diseño Final

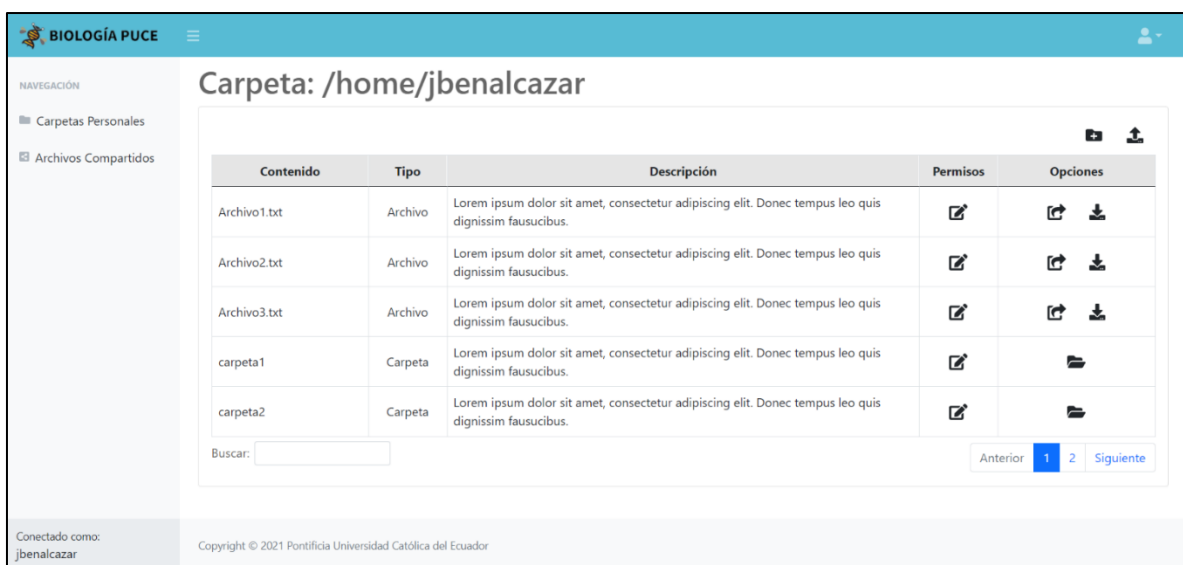


Figura 30. Diseño Final Área de Trabajo (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 30, se presenta el área de trabajo, donde los investigadores pueden navegar entre sus carpetas, realizar acciones sobre sus archivos y utilizar las herramientas disponibles.

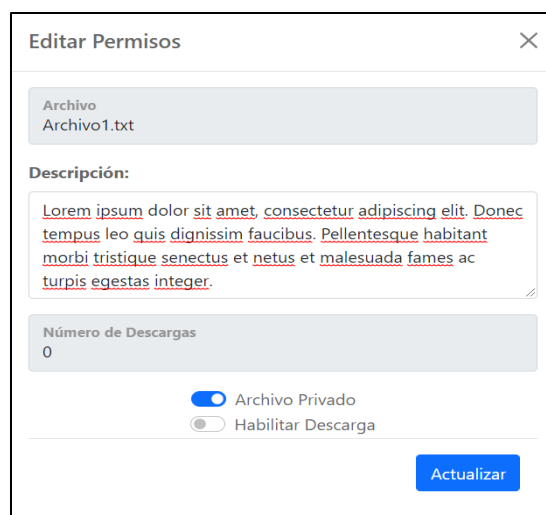


Figura 31. Diseño Final Editar Permisos (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 31, cuando el investigador seleccione la opción de editar, esta abre un modal, el cual presenta la información referente al archivo, donde únicamente se puede modificar la descripción y los permisos que existen sobre este.



Figura 32. Mensaje Actualización de Información y Permisos (Fernández, 2022)

Al momento de actualizar la información y los permisos del archivo se presenta en pantalla un mensaje que nos indica que los cambios se realizaron correctamente, tal como se observa en la Figura 32.

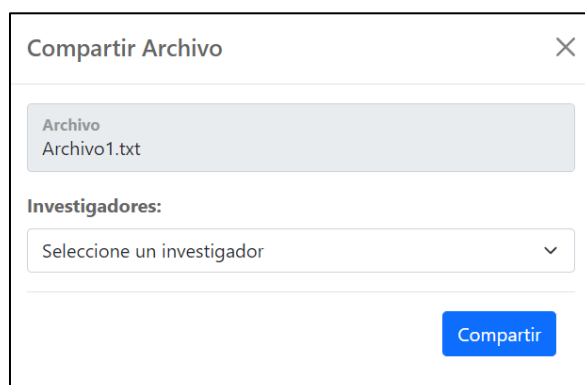


Figura 33. Diseño Final Compartir Archivo (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 33, cuando el investigador seleccione la opción de compartir, esta abre un modal, el cual presenta el nombre del archivo seleccionado y el listado de los investigadores con los cuales se puede compartir.



Figura 34. Mensaje Archivo Compartido Correctamente (Fernández, 2022)

Al momento de compartir un archivo con otro investigador que pertenece al mismo grupo de trabajo, el sistema presenta un mensaje que indica que el archivo ha sido compartido correctamente, tal como se observa en la Figura 34.

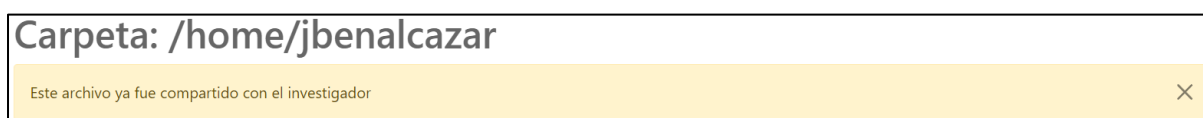


Figura 35. Mensaje Advertencia Archivo Compartido (Fernández, 2022)

En caso de que el archivo ya se encuentre compartido con el investigador, el sistema nos muestra un mensaje de advertencia, mismo que se muestra en la Figura 35.

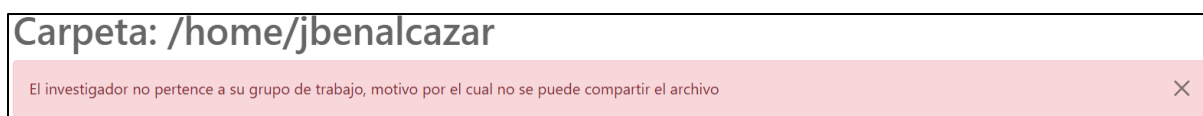


Figura 36. Mensaje Error Archivo Compartido (Fernández, 2022)

Por último en el caso de que el investigador no pertenezca al mismo grupo de trabajo, el sistema nos muestra un mensaje de error, mismo que se muestra en la Figura 36.

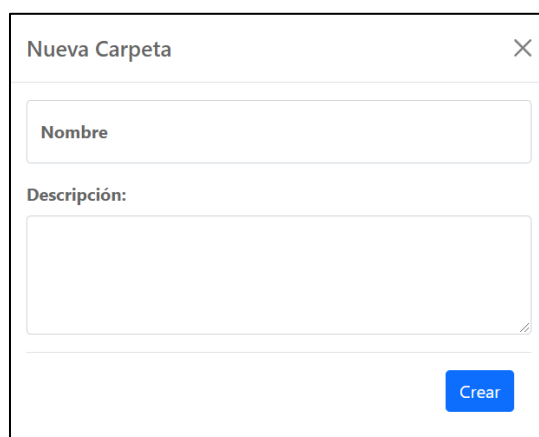
A screenshot of a web application modal window titled "Nueva Carpeta". It features a text input field labeled "Nombre" and a larger text area labeled "Descripción:". At the bottom right of the modal, there is a blue button labeled "Crear".

Figura 37. Diseño Final Crear Carpeta (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 37, cuando el investigador seleccione la opción de nueva carpeta, esta abre un modal, en el cual se ingresa el nombre y descripción de la carpeta a ser creada.

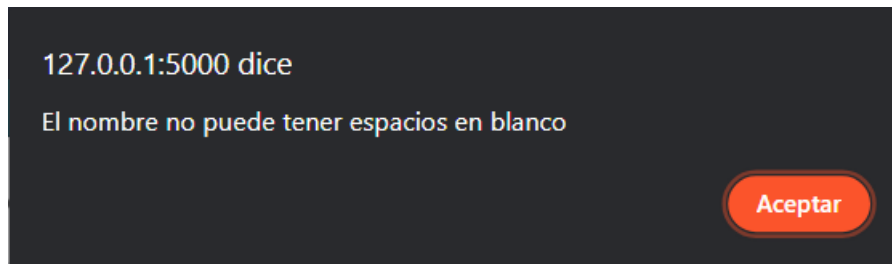


Figura 38. Mensaje Advertencia Nueva Carpeta (Fernández, 2022)

Tomando en cuenta que no se puede ingresar nombres con espacios, el sistema nos avisa con un mensaje de que no se puede crear la carpeta hasta que el nombre no contenga espacios, tal como se observa en la Figura 38.

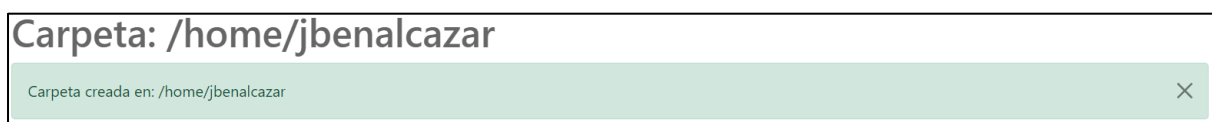


Figura 39. Mensaje Creación de Carpeta (Fernández, 2022)

Tras verificar que el nombre se encuentre sin espacios, el sistema procede a la creación de la carpeta en el servidor y registro en la BDD, además de presentar un mensaje en pantalla indicando el path donde se creó la carpeta, tal como se muestra en la Figura 39.

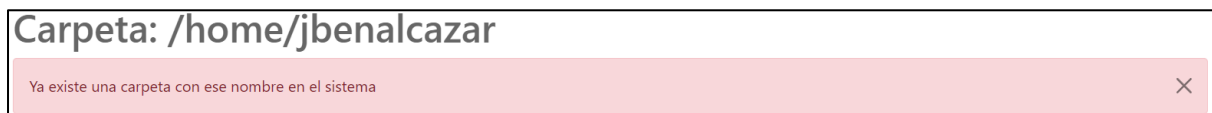


Figura 40. Mensaje Carpeta Existente (Fernández, 2022)

En el caso de que se quiera crear una carpeta con el mismo nombre de una existente, el sistema presenta un mensaje de error indicando que ya existe una carpeta con ese nombre, tal como se observa en la Figura 40.



Figura 41. Diseño Final Subir Archivo (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 41, cuando el investigador seleccione la opción de subir archivo, esta abre un modal, el cual presenta la opción de seleccionar archivo, permitiendo elegir el mismo desde el explorador por defecto del sistema operativo.

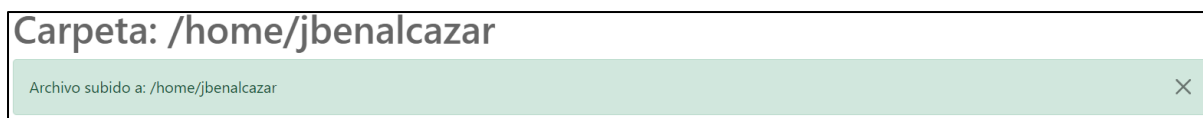


Figura 42. Mensaje Archivo Subido (Fernández, 2022)

Cuando el archivo es subido al servidor, el sistema nos indica que este fue almacenado correctamente, tal como se observa en la Figura 42.

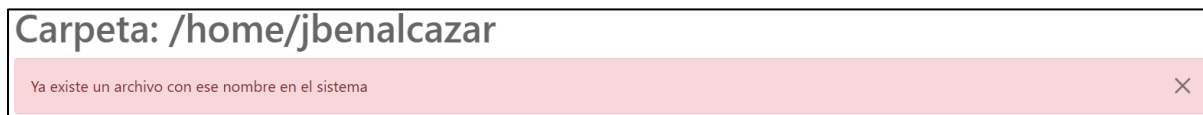


Figura 43. Mensaje Archivo Existente (Fernández, 2022)

Dado el caso de que se quiera subir el mismo archivo al servidor, el sistema nos indica que ya existe un archivo con ese nombre, tal como se puede ver en la Figura 43. Por ende este no puede ser almacenado hasta que se le dé un nuevo nombre.

Pruebas

Prueba de Aceptación	
Número:	3
Historia de usuario:	4
Evaluador: Doris Vela	
Nombre de la prueba: Área de Trabajo Investigadores	
Descripción: Evaluar el correcto acceso a la información almacenada y funcionamiento del área de trabajo	
Condiciones de ejecución: → El usuario debe tener conexión a internet. → Se debe contar con un usuario registrado y con credenciales validas. → El investigador debe tener archivos y carpetas almacenadas en el servidor.	
Entrada / Pasos de ejecución: → El usuario debe seleccionar carpetas personales o archivos compartidos desde el panel de trabajo. → Se debe seleccionar el archivo o carpeta con el que se quiere trabajar. → Se selecciona la opción a ejecutar.	
Resultado esperado: → Se carga el área de trabajo del investigador presentando los archivos y carpetas pertenecientes al usuario. → Se permitirá la edición de permisos e información de archivos. → Se podrá descargar, subir y compartir archivos. → Se vizualizará los archivos compartidos con el investigador.	
Evaluación de la prueba:	Al subir archivos al servidor debe existir un indicador que muestre el progreso.

Figura 44. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 4 (Fernández, 2022)

Prueba de Aceptación - Historia Usuario 4			
Número de Escenario	Aprueba	Completo	Evaluador
1	Si	100%	Doris Vela
2	Si	100%	Doris Vela
3	Si	100%	Doris Vela
4	Si	100%	Doris Vela
5	Si	100%	Doris Vela
6	Si	100%	Doris Vela
7	Si	100%	Doris Vela
8	Si	100%	Doris Vela
9	Si	100%	Doris Vela

Tabla 17. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 4 (Fernández, 2022)

Tal como se describe en la Figura 44 y en la Tabla 17, el evaluador fue la encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas (PhD. Doris Vela), quien verificó que se cumplan con los requerimientos y que el producto esté conforme a las necesidades descritas.

Para más detalle se adjunta como anexo el documento Aceptación Usuario.

4.2.4 Resolución Historia de Usuario 5 - Panel de Administración

Cuarta Iteración

Acorde lo descrito en la Historia de Usuario 5, se estableció los siguientes criterios de aceptación para el desarrollo de esta segunda iteración:

Criterios de Aceptación - Administrador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Ingreso al sistema	Se debe cargar el contenido, imágenes e iconos. Una vez se conceda el acceso al sistema.	Cuando se valida las credenciales ingresadas al iniciar sesión.	Se mostrará el panel de administración del sistema.
2	Ingresar nuevo usuario	Se debe cargar las opciones de administración, para poder ingresar nuevos usuarios al sistema.	Cuando se de click en la opción de usuarios.	Se mostrará el formulario de creación de usuarios con sus respectivos campos.
3	Agregar grupos	Se debe cargar las opciones de administración, para poder agregar nuevos grupos al sistema.	Cuando se de click sobre la opción de grupos.	Se mostrará el formulario de creación de grupos con sus respectivos campos.
4	Asignar Grupo Investigador	Se debe cargar las opciones de administración, para poder asignar un nuevo grupo a un investigador.	Cuando se de click sobre la opción de asignar grupo.	Se mostrará el formulario de asignación de grupo.
5	Agregar instituciones	Se debe cargar las opciones de administración, para poder agregar nuevas instituciones al sistema.	Cuando se de click sobre la opción de instituciones.	Se mostrará el formulario de ingreso de instituciones con sus respectivos campos.
6	Cerrar sesión	Se necesita cerrar la sesión una vez terminado el trabajo del usuario.	Cuando se de click sobre la opción de salir.	Se cerrará la sesión y se redigirá a la página principal.

Tabla 18. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 5 (Fernández, 2022)

Plan de iteración:

- Definir el estilo y diseño del panel de administración.
- Desarrollar panel de administración.
- Establecer pruebas unitarias y de aceptación por parte del usuario.

Tiempo:

- El tiempo estimado de desarrollo va a ser de 5 a 7 días.

Descripción Interfaz de Usuario

Panel de Administración	
	<p>El panel de administración es aquel que se le presenta al usuario (administrador), cuando se verifica sus credenciales y el rol asignado en el sistema. En este se puede visualizar las diferentes opciones administrativas a la que se tiene acceso.</p>

Figura 45. Mockup Panel de Administración (Fernández, 2022)

Nuevo Usuario	
Nuevo Usuario	
Nombres	Apellidos
<input type="text" value="Nombres"/>	<input type="text" value="Apellidos"/>
Institución	
<input type="text" value="Seleccionar"/>	
Identificación	Correo Institucional
<input type="text" value="No. Identificación"/>	<input type="text" value="Correo"/>
Usuario	Grupo
<input type="text" value="Usuario"/>	<input type="text" value="Seleccionar"/>
Contraseña	Confirmar Contraseña
<input type="text" value="Contraseña"/>	<input type="text" value="Contraseña"/>
<input type="button" value="CREAR"/>	

El apartado de nuevo usuario es aquel que se presenta cuando el administrador selecciona el icono de agregar usuario. En este se muestra los campos necesarios para la creación de un usuario nuevo, como es el caso del usuario, contraseña y otros.

Figura 46. Mockup Creación Nuevo Usuario (Fernández, 2022)

Nuevo Grupo	
Nuevo Grupo	
Nombre	
<input type="text" value="Nombre"/>	
Descripción	
<input type="text" value="Lorem ipsum dolor sit amet"/>	
<input type="button" value="COMPARTIR"/>	

El apartado de nuevo grupo es aquel que se presenta cuando el administrador selecciona el icono de agregar grupo. En este se muestra los campos necesarios para la creación de este.

Figura 47. Mockup Creación Nuevo Grupo (Fernández, 2022)

Nueva Institución	
Nueva Institución	
Nombre	
<input type="text" value="Nombre"/>	
Ciudad	
<input type="text" value="Seleccionar"/>	
Descripción	
<input type="text" value="Lorem ipsum dolor sit amet"/>	
<input type="button" value="COMPARTIR"/>	

El apartado de nueva institución es aquel que se presenta cuando el administrador selecciona el icono de agregar institución. En este se muestra los campos necesarios para la creación de esta.

Figura 48. Mockup Creación Nueva Institución (Fernández, 2022)

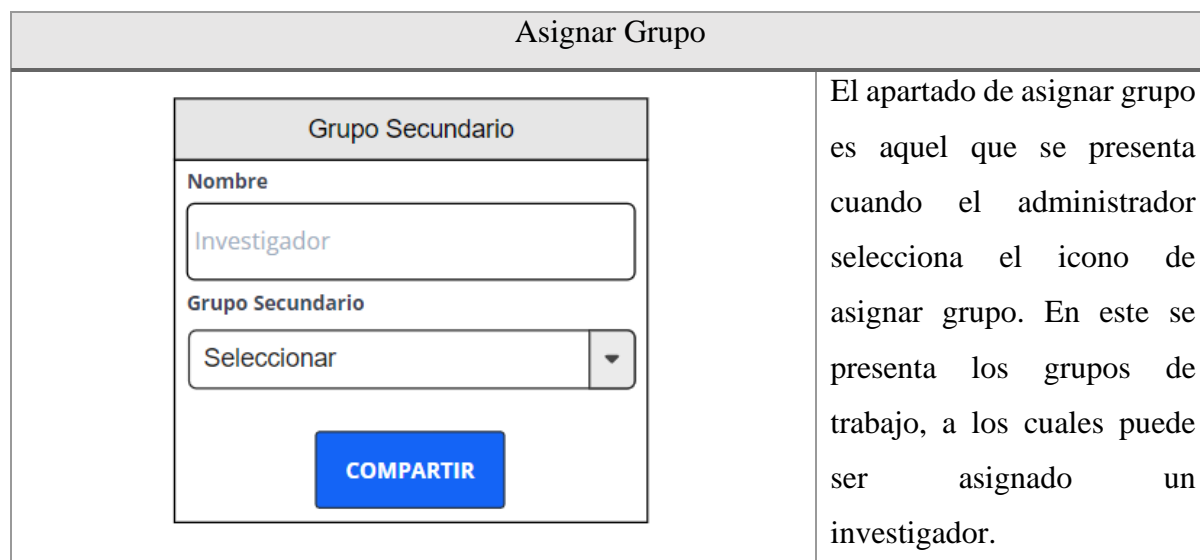


Figura 49. Mockup Asignación Grupo Secundario (Fernández, 2022)

Diseño Final



Figura 50. Diseño Final Panel de Administración (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 50, se presenta el panel de administración, donde el administrador del sistema puede crear nuevos usuarios, grupos, instituciones e incluso asignar nuevos grupos de trabajo a investigadores.

The image shows a modal window titled "Nuevo Usuario" with a close button (X) in the top right corner. The form contains several input fields arranged in a grid:

- Two text input fields: "Nombres" and "Apellidos".
- A dropdown menu labeled "Institución:" with the placeholder text "Seleccione una institución".
- Two text input fields: "No. Identificación" and "Correo Institucional".
- Two text input fields: "Usuario" and "Grupo:" with a dropdown menu showing "Seleccione un grupo".
- Two text input fields: "Contraseña" and "Confirmar Contraseña".
- A blue "Crear" button at the bottom right.

Figura 51. Diseño Final Creación de Usuarios (Fernández, 2022)

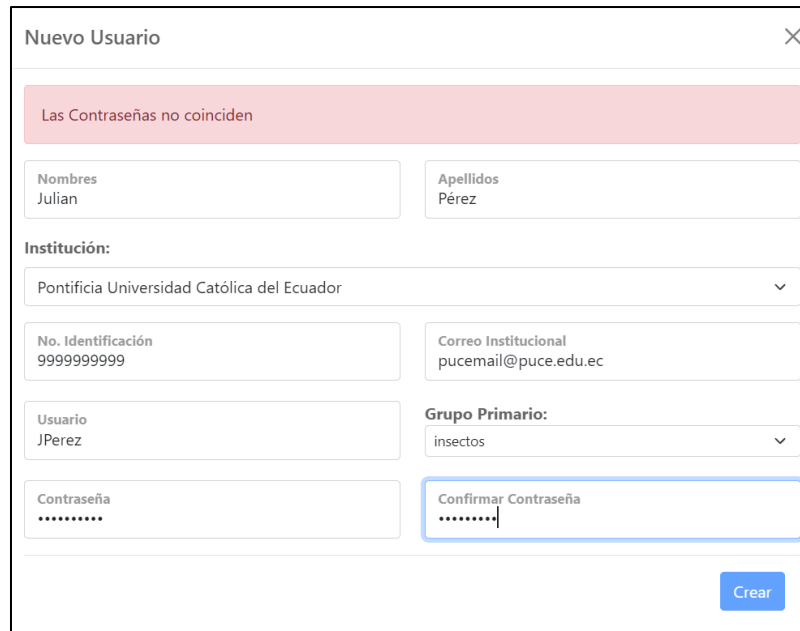
Como se muestra en la Figura 51, cuando el administrador seleccione la opción nuevo usuario, esta abre un modal, en el cual se ingresa la información personal y de usuario. Permitiendo de esta manera registrar el usuario en el sistema.

The image shows the same "Nuevo Usuario" modal window, but now with a green success message at the top: "Las Contraseñas coinciden". The input fields are filled with the following data:

- "Nombres": Julían
- "Apellidos": Pérez
- "Institución:": Pontificia Universidad Católica del Ecuador
- "No. Identificación": 999999999
- "Correo Institucional": pucemail@puce.edu.ec
- "Usuario": JPerez
- "Grupo Primario:": insectos
- "Contraseña" and "Confirmar Contraseña": Both fields contain masked characters (dots).
- The blue "Crear" button is now active and highlighted.

Figura 52. Mensaje Contraseña Coincide (Fernández, 2022)

Al momento de ingresar la contraseña de usuario el sistema realiza una verificación, para ver si la contraseña ingresada coincide, habilitando el botón de crear y procediendo a la creación del usuario. Tal como se observa en la Figura 52.



The screenshot shows a web form titled "Nuevo Usuario" with a close button (X) in the top right corner. At the top, a red error message reads "Las Contraseñas no coinciden". Below this, the form contains several input fields: "Nombres" (filled with "Julian"), "Apellidos" (filled with "Pérez"), "Institución:" (a dropdown menu with "Pontificia Universidad Católica del Ecuador" selected), "No. Identificación" (filled with "999999999"), "Correo Institucional" (filled with "puce@mail@puce.edu.ec"), "Usuario" (filled with "JPerez"), and "Grupo Primario:" (a dropdown menu with "insectos" selected). At the bottom, there are two password fields: "Contraseña" (filled with ".....") and "Confirmar Contraseña" (filled with "....."). A blue "Crear" button is located at the bottom right of the form.

Figura 53. Mensaje Contraseña Diferente (Fernández, 2022)

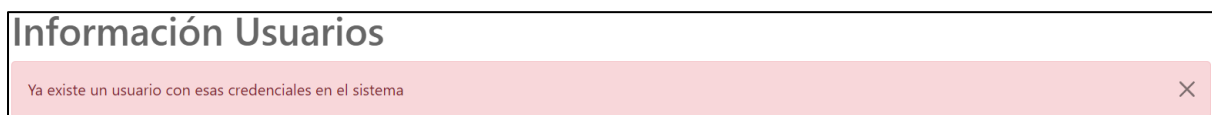
En caso de que las contraseñas no coincidan, el sistema nos muestra un mensaje indicando que estas son diferentes y por ende inhabilita el botón de crear, hasta que se verifique la igualdad entre los campos de contraseña. Tal como se muestra en la Figura 53.



The screenshot shows a notification box titled "Información Usuarios" with a close button (X) in the top right corner. The message inside the box reads "Usuario creado en el sistema".

Figura 54. Mensaje Usuario Creado (Fernández, 2022)

Una vez verificada la información del nuevo usuario el sistema registra al mismo y presenta el mensaje de que la operación fue realizada con éxito, como se observa en la Figura 54.



The screenshot shows a notification box titled "Información Usuarios" with a close button (X) in the top right corner. The message inside the box reads "Ya existe un usuario con esas credenciales en el sistema".

Figura 55. Mensaje Usuario Existente (Fernández, 2022)

Dado el caso de que el usuario a registrar cuenta con credenciales ya existentes, el sistema nos indica que este ya no puede ser ingresado al sistema, debido a que ya cuenta con un registro. Tal como se muestra en la Figura 55.

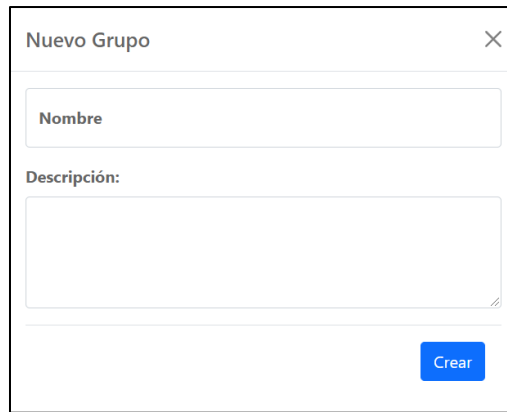


Figura 56. Diseño Final Creación de Grupos (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 56, cuando el administrador seleccione la opción de nuevo grupo, esta abre un modal, en el cual se ingresa el nombre y descripción del grupo a crear.



Figura 57. Mensaje Grupo Creado (Fernández, 2022)

Si toda la información es correcta, se presenta en pantalla un mensaje que nos indica que el grupo fue creado, tal como se observa en la Figura 57.

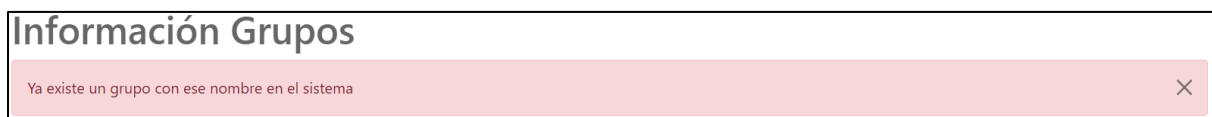


Figura 58. Mensaje Grupo Existente (Fernández, 2022)

En el caso de se ingrese el nombre de un grupo ya existente en el sistema, este nos presenta un mensaje de error indicando de que el nombre escogido ya se encuentra en uso, tal como se observa en la Figura 58.

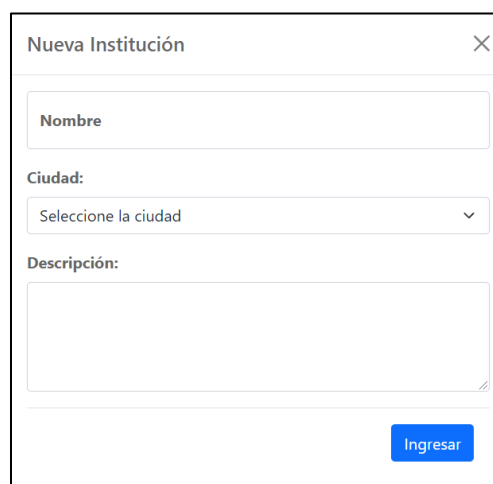


Figura 59. Diseño Final Ingreso de Instituciones (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 59, cuando el administrador seleccione la opción de nueva institución, esta abre un modal, en el cual se presenta la información a ingresar, como es el caso del nombre, ciudad y la descripción.



Figura 60. Mensaje Institución Creada (Fernández, 2022)

Si toda la información es correcta, se presenta en pantalla un mensaje que nos indica que la institución fue creada, tal como se observa en la Figura 60.

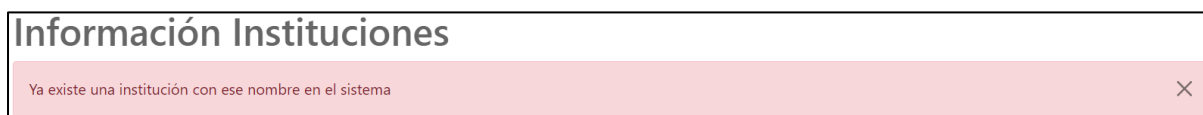


Figura 61. Mensaje Institución Existente (Fernández, 2022)

En el caso de se ingrese el nombre de una institución registrada en el sistema, este nos presenta un mensaje de error indicando de que el nombre escogido ya se encuentra en uso, tal como se observa en la Figura 61.

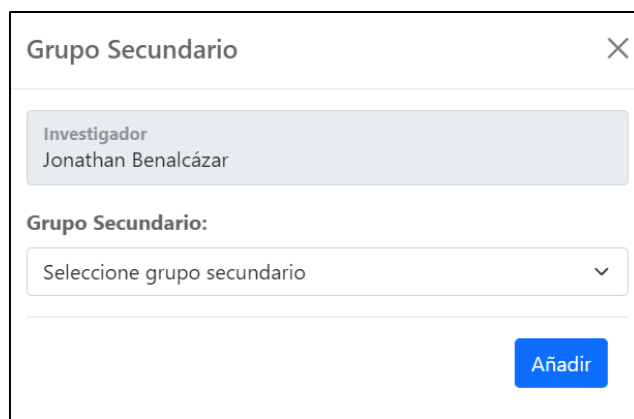


Figura 62. Diseño Final Asignación Grupo Secundario (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 62, cuando el administrador seleccione la opción de asignar grupo secundario, esta abre un modal, en el cual se presenta el nombre del investigador y la lista de grupos de trabajo. Si el investigador seleccionado no cuenta con grupos de trabajo secundarios, el sistema presenta el mensaje de asignación. Tal como se observa en la Figura 63.

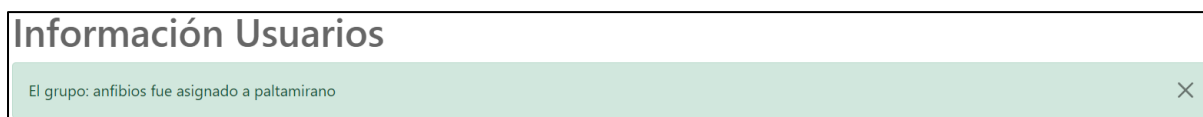


Figura 63. Mensaje Asignación Grupo Secundario (Fernández, 2022)

Dado el caso de que el investigador ya pertenezca al grupo de trabajo, el sistema nos indica que ese usuario ya pertenece al grupo seleccionado, tal como se observa en la Figura 64.

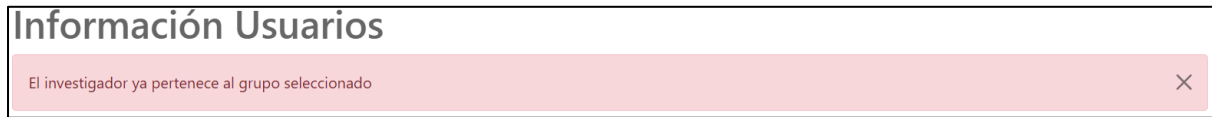


Figura 64. Mensaje Pertenencia a Grupo (Fernández, 2022)

Pruebas

Prueba de Aceptación	
Número:	4
Historia de usuario:	5
Evaluador: Doris Vela	
Nombre de la prueba: Panel de Administración	
Descripción: Evaluar el correcto acceso y funcionamiento del panel de administración	
Condiciones de ejecución: → El usuario debe tener conexión a internet. → Se debe contar con un usuario administrador.	
Entrada / Pasos de ejecución: → El administrador debe seleccionar usuarios, grupos o instituciones. → Se debe seleccionar la opción a ejecutar.	
Resultado esperado: → Se carga el panel de administración presentando los usuarios, grupos e instituciones. → Se permitirá la creación de nuevos usuarios. → Se podrá ingresar nuevos grupos e instituciones.	
Evaluación de la prueba:	No existe observaciones respecto al panel de administración.

Figura 65. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 5 (Fernández, 2022)

Prueba de Aceptación - Historia Usuario 5			
Número de Escenario	Aprueba	Completo	Evaluador
1	Si	100%	Doris Vela
2	Si	100%	Doris Vela
3	Si	100%	Doris Vela
4	Si	100%	Doris Vela
5	Si	100%	Doris Vela
6	Si	100%	Doris Vela

Tabla 19. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 5 (Fernández, 2022)

Tal como se describe en la Figura 65 y en la Tabla 19, el evaluador fue la encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas (PhD. Doris Vela), quien verificó que se cumplan con los requerimientos y que el producto esté conforme a las necesidades descritas.

Para más detalle se adjunta como anexo el documento Aceptación Usuario.

4.2.5 Resolución Historia de Usuario 6 - Perfil Investigador

Quinta Iteración

Acorde lo descrito en la Historia de Usuario 6, se estableció los siguientes criterios de aceptación para el desarrollo de esta segunda iteración:

Criterios de Aceptación - Investigador				
Número de Escenario	Criterio de Aceptación (Título)	Contexto	Evento	Resultado / Comportamiento Esperado
1	Nombre del investigador	Se debe mostrar el nombre completo del investigador.	Cuando se de click sobre la opción de perfil.	Se mostrará el nombre y apellido del investigador en pantalla.
2	Institución	Se debe mostrar la institución a la que pertenece el investigador.		Se mostrará el nombre de la institución del investigador en pantalla.
3	Correo institucional	Se debe mostrar el correo institucional vinculado al investigador.		Se mostrará el correo institucional del investigador en pantalla.
4	URL Search	Se debe poder modificar el link vinculado al perfil profesional del investigador.		Se mostrará el link de perfil profesional del investigador en pantalla.
5	Curriculum	Se debe poder modificar la información de curriculum del investigador.		Se mostrará el curriculum del investigador en pantalla.
6	Foto de perfil	Se debe poder subir una foto de perfil del investigador.	Cuando se de click sobre la opción de subir foto.	Se mostrará una ventana donde el investigador podrá elegir una foto desde su ordenador.

Tabla 20. Criterios de Aceptación Historia de Usuario 6 (Fernández, 2022)

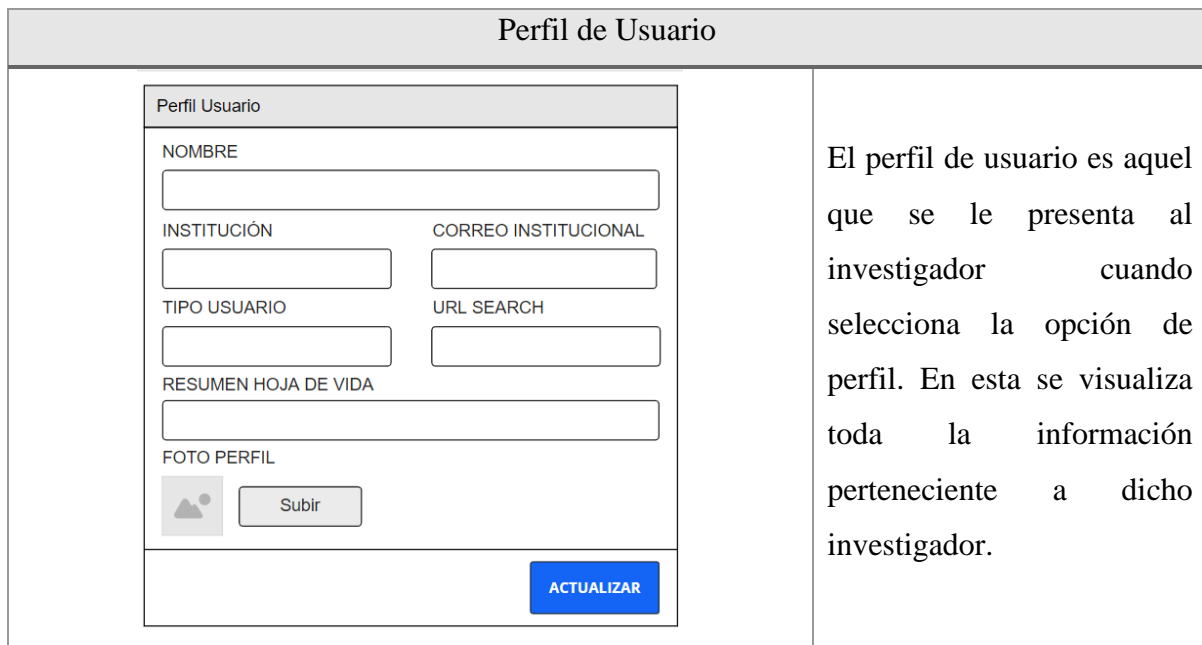
Plan de iteración:

- Definir el estilo y diseño del perfil de investigador.
- Desarrollar el perfil de investigador.
- Establecer pruebas unitarias y de aceptación por parte del usuario.

Tiempo:

- El tiempo estimado de desarrollo va a ser de 2 a 4 días.

Descripción Interfaz de Usuario



The mockup shows a form titled "Perfil de Usuario" with the following fields: "NOMBRE" (text input), "INSTITUCIÓN" (text input), "CORREO INSTITUCIONAL" (text input), "TIPO USUARIO" (text input), "URL SEARCH" (text input), "RESUMEN HOJA DE VIDA" (text area), and "FOTO PERFIL" (image upload with "Subir" button). A blue "ACTUALIZAR" button is located at the bottom right of the form.

El perfil de usuario es aquel que se le presenta al investigador cuando selecciona la opción de perfil. En esta se visualiza toda la información perteneciente a dicho investigador.

Figura 66. Mockup Perfil Investigador (Fernández, 2022)

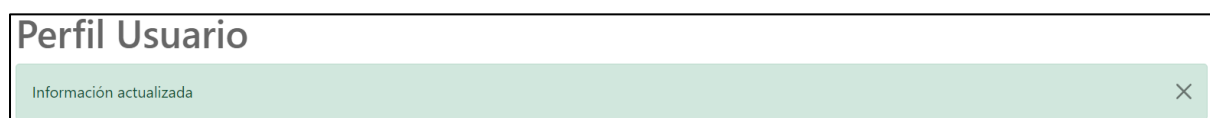
Diseño Final



The final design shows the form populated with data: "NOMBRE" (Jonathan Benalcázar), "INSTITUCIÓN" (Pontificia Universidad Católica del Ecuador), "CORREO INSTITUCIONAL" (mail@puce.edu.ec), "TIPO USUARIO" (Investigador), "URL SEARCH" (url_link.com), "RESUMEN HOJA DE VIDA (MAX. 500 CARACTERES)" (Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Pellentesque vestibulum dui tortor, et efficitur elit imperdiet at. Curabitur ligula justo, fermentum quis commodo laoreet, pharetra et enim.), and "FOTO PERFIL" (Seleccionar archivo Ningún archivo seleccionado). A blue "Actualizar" button is at the bottom right.

Figura 67. Diseño Final Perfil de Usuario (Fernández, 2022)

Como se muestra en la Figura 67, se presenta el perfil de usuario, donde los investigadores pueden ver su información y modificarla. Tomando en cuenta que solo se puede cambiar la url de presentación, el resumen de la hoja de vida y la foto de perfil.



A green message box titled "Perfil Usuario" with the text "Información actualizada" and a close button (X).

Figura 68. Mensaje Información Perfil Actualizada (Fernández, 2022)

Una vez que se actualice la información el sistema nos presenta un mensaje que indica que los cambios fueron realizados, tal como se observa en la Figura 68.

Pruebas

Prueba de Aceptación	
Número:	5
Historia de usuario:	6
Evaluador: Doris Vela	
Nombre de la prueba: Perfil Investigador	
Descripción: Evaluar el correcto funcionamiento del perfil de usuario y actualización de información	
Condiciones de ejecución: → El usuario debe tener conexión a internet. → Se debe contar con un usuario registrado y con credenciales validas. → El investigador debe tener información registrada en la BDD	
Entrada / Pasos de ejecución: El usuario debe seleccionar la opción de perfil desde el menú desplegable.	
Resultado esperado: → Se carga la información del investigador en pantalla. → Se permitirá la edición del perfil de usuario. → Se podrá subir imagen de perfil.	
Evaluación de la prueba:	No existe observaciones respecto al perfil de usuario.

Figura 69. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 6 (Fernández, 2022)

Prueba de Aceptación - Historia Usuario 6			
Número de Escenario	Aprueba	Completo	Evaluador
1	Si	100%	Doris Vela
2	Si	100%	Doris Vela
3	Si	100%	Doris Vela
4	Si	100%	Doris Vela
5	Si	100%	Doris Vela
6	Si	100%	Doris Vela

Tabla 21. Prueba de Aceptación Historia de Usuario 6 (Fernández, 2022)

Tal como se describe en la Figura 69 y en la Tabla 21, el evaluador fue la encargada del laboratorio de investigación de la escuela de ciencias biológicas (PhD. Doris Vela), quien verificó que se cumplan con los requerimientos y que el producto esté conforme a las necesidades descritas.

Para más detalle se adjunta como anexo el documento Aceptación Usuario.

Capítulo 5: Conclusiones y Recomendaciones

5.1 Conclusiones

- Gracias a las reuniones constantes con el cliente se pudo identificar los requerimientos necesarios para la construcción del sistema web, creando en sí un producto con una interfaz amigable y con las funcionalidades descritas.
- Es necesario analizar la funcionalidad del proyecto y el alcance que este va a tener, para poder definir las herramientas de trabajo óptimas y aplicables para el desarrollo del producto.
- Al usar la metodología ágil de extreme programming se logró fomentar la comunicación entre el cliente y el desarrollador. Permitiendo identificar las prioridades del producto y facilitando los cambios sobre el mismo.
- El uso del modelo MVC permitió tener un código ordenado y limpio, ya que se separó la capa de presentación de la de negocio, de tal forma que el mantenimiento que se realice a futuro sea más fácil y la implementación de nuevas funcionalidades no afecte el funcionamiento del sistema.
- Flask al ser un microframework de Python permitió integrar librerías útiles para el desarrollo del sistema, ahorrando tiempo y haciendo que nuestro sistema sea más eficiente.
- El uso de Bootstrap como framework de front-end permitió crear un sistema responsive, el cual se ajusta al tamaño de pantalla de cualquier dispositivo y puede ser visualizado desde cualquier navegador web.
- Con el uso de las herramientas ya mencionadas se desarrolló un prototipo de sistema de información que permite la administración de archivos resultantes de la secuenciación de genomas, facilitando la compartición de información entre investigadores, subida y descarga de archivos desde el servidor.
- La gestión de archivos desde el sistema permite a los investigadores desarrollar su trabajo de manera ágil, ya que este gestiona todas las operaciones entre la base de datos y el servidor desde la interfaz web.
- El panel de administración, ayuda al administrador del sistema a crear nuevas cuentas de usuario en el servidor de manera sencilla, ya que este se encarga del proceso de creación y concesión de permisos de lectura, escritura y ejecución.

- Las pruebas realizadas se basaron en los estándares propuestos, siguiendo las historias de usuario para comprobar que el sistema se comportara de la manera establecida y proveyera de los resultados esperados.

5.2 Recomendaciones

- Si se desea desarrollar un proyecto, es importante realizar un análisis de los requerimientos de este, ya que de esta manera se puede realizar una planificación adecuada y evitar errores durante el desarrollo que requieran empezar de cero.
- Se recomienda analizar la funcionalidad del proyecto, para poder escoger el SGBD y la forma de licenciamiento de este, pues existen versiones con licenciamiento libre, pero tienen funciones limitadas. Lo cual puede afectar el crecimiento del producto.
- Se sugiere tomar en cuenta la licencia que maneja el lenguaje de programación utilizado para el desarrollo del sistema, ya que en caso de contar con una licencia GNU, el producto heredará la misma. Haciéndolo de libre de uso y permitiendo la modificación del mismo.
- Al momento de implementar nuevas funcionalidades se recomienda hacer uso de librerías que cuenten con documentación amplia y sean estables, para evitar fallos al momento de la ejecución del sistema.
- Como recomendación técnica se sugiere hacer un respaldo constante de la información almacenada en el servidor y de la base de datos, con el fin de evitar pérdidas de información o tener la capacidad de recuperarla en caso de algún fallo.
- Se recomienda que la universidad incentive a sus alumnos a participar en actividades o proyectos multidisciplinarios, con el objetivo de generar interés por aprender y adquirir nuevas habilidades. Dicha recomendación la hago en vista de la situación que viví al vincularme en un proyecto de este estilo y por los nuevos conocimientos que obtuve.

Bibliografía:

- Aguilar-Bultet, L., & Falquet, L. (2015). Secuenciación y ensamblaje de novo de genomas bacterianos: una alternativa para el estudio de nuevos patógenos. *Rev. Salud Anim*, 37(2), 125–132.
- Barreto Hernández, E. (2002). *Bioinformática: Historia y perspectivas futuras* (Vol. 20, Issue 3). <http://repositorio.colciencias.gov.co/handle/11146/2233>
- Briceño, K. (2020). *¿Qué es el grupo fosfato? Características y funciones*. Lifeder. <https://www.lifeder.com/grupo-fosfato/>
- Burriel, V. (2009). *Estructura y propiedades de los Ácidos Nucléicos*. Universidad de Valencia. https://www.uv.es/tunon/pdf_doc/AcidosNucleicos_veronica.pdf
- Calvo, D. (2018). *Metodología XP Programación Extrema (Metodología ágil)*. <https://www.diegocalvo.es/metodologia-xp-programacion-extrema-metodologia-agil/>
- Casillas, L., Ginestà, M., & Mora, Ó. (2017, June 26). *Bases de datos en MySQL*. Universitat Oberta de Catalunya. <http://ual.dyndns.org/biblioteca/Bases de Datos Avanzado/Pdf/05 Bases de datos en MySQL.pdf>
- Challenger, I., Díaz, Y., & Becerra, R. (2014). El lenguaje de programación Python. *Ciencias Holguín*, 20(2), 1–13. <http://www.ciencias.holguin.cu/index.php/cienciasholguin/article/view/826>
- Cortés, M., & Iglesias, M. (2004). *Generalidades sobre Metodología de la Investigación* (Ana Gómez, E. Hernández, & M. Ávila (eds.); 1ª ed). Universidad Autónoma del Carmen.
- Demera, R. (2021, February 2). *Metodologías ¿tradicional vs ágil?* Tribalyte Technologies. <https://tech.tribalyte.eu/blog-metodologias-tradicional-vs-agil>
- EDteam. (2020). *¿Qué es el modelo vista controlador?* EDteam. <https://ed.team/comunidad/que-es-el-modelo-vista-controlador>
- Fernández, J. (2022). *Desarrollo del Prototipo de Sistema Web para la Gestión de Datos de Información Genética (Bioinformática)*. Pontificia Universidad Católica del Ecuador.
- Franco, M. L., Cediel, J. F., & Payán, C. (2008). *Brief history of bioinformatics* (Vol. 39). http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1657-95342008000100015&tlng=es

- Gálvez, F. (2009). *Ácidos Nucleicos*. Universidad Politécnica de Valencia. https://www.uv.es/tunon/pdf_doc/Acidos Nucleicos_09.pdf
- Gómez, Alveiro. (2012). Desarrollo ágil de software aplicando programación extrema. *Revista Ingenio*, 5, 25–29. <https://core.ac.uk/download/pdf/322563832.pdf>
- González, F. (2002). ¿Qué es el genoma? *Mètode*. <https://metode.es/revistas-metode/monograficos/que-es-el-genoma-2.html>
- González Muñoz, A., Alvarez Yela, A., López Alvarez, D., Quintero, A., Orozco Arias, S., Guyot, R., Cristancho Ardila, M., Zuluaga, M., Botero, K., Mosquera Rendón, J., & Garavito, A. (2017). Una aproximación conceptual a las ciencias ómicas. In *Centro de Bioinformática y Biología Computacional de Colombia*. https://www.researchgate.net/publication/322869209_Una_aproximacion_conceptual_a_las_ciencias_omicas
- Gutiérrez, J. (2014). *¿Qué es un framework web?* http://www.lsi.us.es/~javierj/investigacion_ficheros/Framework.pdf
- IDEAUNO. (2014). *Desarrollo de Prototipos*. IDEAUNO. <https://www.ideauno.cl/desarrollo-de-prototipos-web>
- Jiménez, M. (2018, July 3). *La información genética*. Slideplayer. <https://slideplayer.es/slide/13428809/>
- Khan Academy. (2020, January 25). *Repaso de ARN y síntesis de proteínas*. Khan Academy. <https://es.khanacademy.org/science/high-school-biology/hs-molecular-genetics/hs-rna-and-protein-synthesis/a/hs-rna-and-protein-synthesis-review>
- López, R. (2015). Metodologías Ágiles de Desarrollo de Software Aplicadas a la Gestión de Proyectos Empresariales. *Revista Tecnológica*, 8. <https://core.ac.uk/download/pdf/80296686.pdf>
- Maida, E., & Pacienza, J. (2015). *Metodologías de desarrollo de software* [Pontificia Universidad Católica Argentina]. <https://repositorio.uca.edu.ar/bitstream/123456789/522/1/metodologias-desarrollo-software.pdf>
- Manual Web. (2018, March 11). *Introducción a Flask*. Manual Web. <http://www.manualweb.net/flask/introduccion-flask/>

- Marqués, M. (2011). *Bases de datos* (1ª ed). Universitat Jaume. www.sapientia.uji.es
- National Human Genome Research Institute. (2016a). *Bioinformática*. NIH. <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Bioinformatica>
- National Human Genome Research Institute. (2016b). *Genoma*. NIH. <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Genoma#:~:text=En los seres humanos%2C el,de la secuencia de ADN.>
- Olmo, M., & Nave, R. (2013). *Bases Nitrogenadas*. HyperPhysics. <http://hyperphysics.phy-astr.gsu.edu/hbasees/Organic/base.html>
- Raffino, M. (2020). *Información Genética*. Concepto.De. <https://concepto.de/informacion-genetica/>
- Rodríguez, M. (2020, December 24). *Scrum: el pasado y el futuro*. Netmind. <https://netmind.net/es/scrum-el-pasado-y-el-futuro/>
- Salazar, A., Sandoval, A., & Armendáriz, J. (2013). *Biología Molecular Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud* (1ª ed). McGraw-Hil.
- Software Engineering Institute. (2021, May 10). *Software Architecture*. Carnegie Mellon University. <https://www.sei.cmu.edu/our-work/software-architecture/>
- Sommerville, I. (2005). *Ingeniería del software* (M. Romo (ed.); 7ª ed). Pearson.
- Suárez, D. (2020, October 14). *Qué es Bootstrap y cómo usarlo*. Raiola Networks. <https://raiolanetworks.es/blog/bootstrap/>
- Tecnologías Información. (2019). *Gestión de datos: Conceptos, Mejores Prácticas y Beneficios*. Tecnologías Información. <https://www.tecnologias-informacion.com/gestiondatos.html>
- Tecsolt. (2019, August 28). *Modelos de Desarrollo de Software*. LaTecnologiaTop. <https://latecnologiastop.com/modelos-de-desarrollo-de-software/>
- Vazquez, M. (2018). *Tabla Comparativa de Métodos de Secuenciación Primera*. Scribd. <https://es.scribd.com/document/394923898/Tabla-Comparativa-de-Metodos-de-Secuenciacion-Primera>

Anexos

Anexo 1 - Script Base de Datos

```
/*=====*/  
/* DBMS name:    MySQL 5.0                */  
/* Created on:   11/15/2021 11:24:09 AM    */  
/*=====*/  
  
drop trigger TIB_ARCHIVOS_COMPARTIDOS;  
  
drop trigger TUB_ARCHIVOS_COMPARTIDOS;  
  
drop trigger TDB_CIUDDAD;  
  
drop trigger TIB_CIUDDAD;  
  
drop trigger TUB_CIUDDAD;  
  
drop trigger TDB_CONTENIDO;  
  
drop trigger TIB_CONTENIDO;  
  
drop trigger TUB_CONTENIDO;  
  
drop trigger TDB_GRUPO;  
  
drop trigger TUB_GRUPO;  
  
drop trigger TIB_GRUPO_INVESTIGADOR;  
  
drop trigger TUB_GRUPO_INVESTIGADOR;  
  
drop trigger TDB_INSTITUCION;  
  
drop trigger TIB_INSTITUCION;  
  
drop trigger TUB_INSTITUCION;  
  
drop trigger TDB_PAIS;  
  
drop trigger TUB_PAIS;  
  
drop table if exists ARCHIVOS_COMPARTIDOS;
```

```

drop table if exists CIUDAD;

drop table if exists CONTENIDO;

drop table if exists GRUPO;

drop table if exists GRUPO_INVESTIGADOR;

drop table if exists INSTITUCION;

drop table if exists INVESTIGADOR;

drop table if exists PAIS;

/*=====*/

/* Table: ARCHIVOS_COMPARTIDOS          */

/*=====*/

create table ARCHIVOS_COMPARTIDOS

(

    INIDENTIFICACION  varchar(15) not null,

    CONTNOMBRE        varchar(100) not null

);

/*=====*/

/* Table: CIUDAD          */

/*=====*/

create table CIUDAD

(

    CIUCODIGO         int auto_increment not null,

    PAISNOMBRE        varchar(100) not null,

    CIUNOMBRE         varchar(100) not null,

    primary key (CIUCODIGO)

```

```

);

/*=====*/

/* Table: CONTENIDO */

/*=====*/

create table CONTENIDO

(
  CONTNOMBRE      varchar(100) not null,
  INIDENTIFICACION  varchar(15) not null,
  GRPNOMBRE       varchar(50) not null,
  CONTDESCRIPCION  text,
  CONTPATH        varchar(250) not null,
  CONTPRIVADO     varchar(1) not null default 'S',
  CONTDESCARGA    varchar(1) not null default 'N',
  CONTNUMERODESCARGAS int not null default 0,
  CONTTIPO        varchar(1) not null,
  CONTDIRECTORIO  varchar(250) not null,
  primary key (CONTNOMBRE)
);

```

```

/*=====*/

/* Table: GRUPO */

/*=====*/

create table GRUPO

(
  GRPNOMBRE       varchar(50) not null,

```

```

GRPDESCRIPCION    text,

primary key (GRPNOMBRE)

);

/*=====*/

/* Table: GRUPO_INVESTIGADOR          */

/*=====*/

create table GRUPO_INVESTIGADOR

(

  GRPNOMBRE        varchar(50) not null,

  INVIDENTIFICACION  varchar(15) not null,

  GRPITIPO         varchar(1) not null

);

/*=====*/

/* Table: INSTITUCION                */

/*=====*/

create table INSTITUCION

(

  INSNOMBRE        varchar(150) not null,

  CIUCODIGO        int not null,

  INSDESCRIPCION   text,

  primary key (INSNOMBRE)

);

/*=====*/

/* Table: INVESTIGADOR                */

```

```
/*=====*/
```

```
create table INVESTIGADOR
```

```
(
```

```
  INVIDENTIFICACION  varchar(15) not null,
```

```
  INSNOMBRE          varchar(150) not null,
```

```
  INVUSUARIO         varchar(100) not null,
```

```
  INVNOMBRES         varchar(100) not null,
```

```
  INVPELLIDOS        varchar(100) not null,
```

```
  INVCORREOINSTITUCIONAL varchar(50) not null,
```

```
  INVURLRESEARCH     varchar(250),
```

```
  INV FOTO           text,
```

```
  INV BIOGRAFIA      text,
```

```
  INV PATHHOME       varchar(250) not null,
```

```
  INV TIPO           varchar(1) not null default 'T',
```

```
  primary key (INVIDENTIFICACION)
```

```
);
```

```
/*=====*/
```

```
/* Table: PAIS */
```

```
/*=====*/
```

```
create table PAIS
```

```
(
```

```
  PAISNOMBRE         varchar(100) not null,
```

```
  primary key (PAISNOMBRE)
```

```
);
```

```
create trigger TIB_ARCHIVOS_COMPARTIDOS before insert
on ARCHIVOS_COMPARTIDOS for each row
begin
end;

create trigger TUB_ARCHIVOS_COMPARTIDOS before update
on ARCHIVOS_COMPARTIDOS for each row
begin
end;

create trigger TDB_CIUDDAD before delete
on CIUDDAD for each row
begin
end;

create trigger TIB_CIUDDAD before insert
on CIUDDAD for each row
begin
end;

create trigger TUB_CIUDDAD before update
on CIUDDAD for each row
begin
end;

create trigger TDB_CONTENIDO before delete
on CONTENIDO for each row
begin
end;
```

```
create trigger TIB_CONTENIDO before insert
on CONTENIDO for each row
begin
end;

create trigger TUB_CONTENIDO before update
on CONTENIDO for each row
begin
end;

create trigger TDB_GRUPO before delete
on GRUPO for each row
begin
end;

create trigger TUB_GRUPO before update
on GRUPO for each row
begin
end;

create trigger TIB_GRUPO_INVESTIGADOR before insert
on GRUPO_INVESTIGADOR for each row
begin
end;

create trigger TUB_GRUPO_INVESTIGADOR before update
on GRUPO_INVESTIGADOR for each row
begin
end;
```

```
create trigger TDB_INSTITUCION before delete
```

```
on INSTITUCION for each row
```

```
begin
```

```
end;
```

```
create trigger TIB_INSTITUCION before insert
```

```
on INSTITUCION for each row
```

```
begin
```

```
end;
```

```
create trigger TUB_INSTITUCION before update
```

```
on INSTITUCION for each row
```

```
begin
```

```
end;
```

```
create trigger TDB_PAIS before delete
```

```
on PAIS for each row
```

```
begin
```

```
end;
```

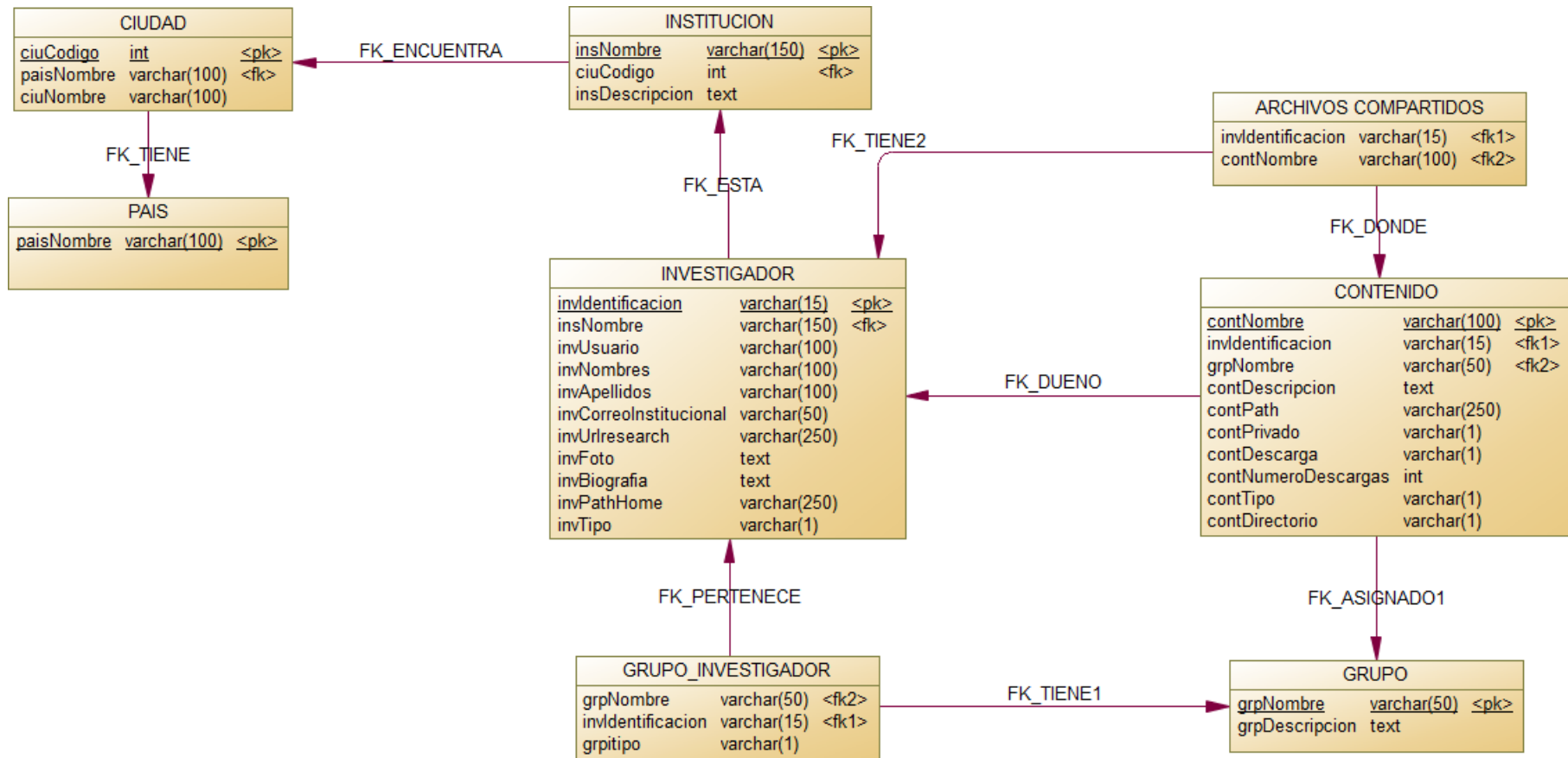
```
create trigger TUB_PAIS before update
```

```
on PAIS for each row
```

```
begin
```

```
end;
```

Anexo 2 - Modelo Entidad Relación





Anexo 3 – Acta de Reuniones





ACTA DE REUNIONES

Objetivo: Realizar el levantamiento de requerimientos con el cliente.	
Acta N°: 1	Hora Inicio: 14h00 Hora Fin: 14h30
Fecha: 04 de agosto de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom

PARTICIPANTES			
No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	

Objetivo: Realizar el levantamiento de requerimientos con el cliente.	
Acta N°: 2	Hora Inicio: 15h00 Hora Fin: 15h40
Fecha: 11 de agosto de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom



PARTICIPANTES			
No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	



ACTA DE REUNIONES



Objetivo: Presentar el prototipo perteneciente a la Iteración 1 y verificar que se cumpla con los criterios de aceptación.

Acta N°: 3	Hora Inicio: 14h00 Hora Fin: 14h50
Fecha: 07 de septiembre de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom

PARTICIPANTES			
No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	

Objetivo: Presentar el prototipo perteneciente a la Iteración 2 y verificar que se cumpla con los criterios de aceptación.

Acta N°: 4	Hora Inicio: 17h00 Hora Fin: 17h40
Fecha: 04 de noviembre de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom

PARTICIPANTES			
No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	





ACTA DE REUNIONES

Objetivo: Presentar el prototipo perteneciente a la Iteración 3 y verificar que se cumpla con los criterios de aceptación.

Acta N°: 5	Hora Inicio: 14h00 Hora Fin: 14h50
Fecha: 11 de noviembre de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom



PARTICIPANTES

No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	

Objetivo: Presentar el prototipo perteneciente a la Iteración 4 y verificar que se cumpla con los criterios de aceptación.

Acta N°: 6	Hora Inicio: 14h00 Hora Fin: 14h40
Fecha: 23 de noviembre de 2021	Lugar: Reunión vía Zoom

PARTICIPANTES

No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	



ACTA DE REUNIONES

Objetivo: Presentar el prototipo perteneciente a la Iteración 5 y verificar que se cumpla con los criterios de aceptación.



Acta N°: 7

Hora Inicio: 14h00
Hora Fin: 14h30

Fecha: 30 de noviembre de 2021

Lugar: Reunión vía Zoom

PARTICIPANTES

No.	Nombre	Rol	Firma
1	Jonathan Fernández	Programador	
2	PhD. Doris Vela	Cliente	

Anexo 4 - Prueba de Aceptación Usuario

Pontificia Universidad
Católica del Ecuador
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Escuela de Ciencias Biológicas



Quito, 7 de febrero de 2022

CERTIFICADO

Certifico que el señor Jonathan Fernández, estudiante de la Facultad de Ingeniería, ha realizado el trabajo de titulación “Desarrollo del prototipo de sistema web para la gestión de datos de información genética (Bioinformática)”, el cual cumple con los objetivos propuestos en el plan de titulación.

Atentamente,

Doris Vela Ph.D.
Profesora Agregada
Laboratorio de Genética Evolutiva
Pontificia Universidad Católica del Ecuador
Telf: 2991700 ext 1823

Av. 12 de Octubre 1076 y Ramón Roca
Apartado postal 17-01-2184
Telf.: (593) 2 2991685 - 2991687
Quito - Ecuador www.puce.edu.ec



Anexo 5 – Manual Técnico



Manual Técnico

Proyecto: Sistema web para la gestión de datos de información genética

Pontificia Universidad Católica del Ecuador

Facultad de Ingeniería

Carrera de Sistemas y Computación

[Febrero]



BioTech

MANUAL TÉCNICO

1. Objetivos

Se ha creado este documento con el propósito de mostrar como fue diseñado el sistema y al mismo tiempo dar referencias de como interactuar con el mismo. Para que sea actualizado o al mismo tiempo se le dé mantenimiento adecuado en caso de un fallo.

1.1 Objetivos Específicos.

- Guía de instalación del sistema
- Requisitos para la ejecución del sistema
- Evidenciar el diseño del sistema antes de implementarlo.

2. Alcance

Este documento está dirigido al:

- Programador

Conocimientos básicos en:

- Programación de sitios web
- Bases de Datos

3. Requerimientos Técnicos

Software:

- Virtualizador: (VirtualBox, Hyper-V u otros) para el manejo de información del servidor.
- Navegador Web: (Mozilla Firefox, Google Chrome, Brave, Microsoft Edge u Opera) para el manejo del sistema.
- Gestor de Bases de Datos: (MariaDB o MySQL) para la administración de los registros almacenados.
- Entorno de Desarrollo Integrado: (Visual Studio Code) para la modificación y/o actualización del código fuente.

Hardware:

- Equipo de escritorio o laptop, que cuente con todos sus periféricos.
- Conexión a internet por cable, para un mejor desempeño.

3.1 Requerimientos Mínimos de Hardware.

Procesador: Core i3 o Ryzen 3

Memoria RAM (Mínimo): 8 GB

Disco Duro: 500 GB

3.2 Requerimientos Mínimos de Software.

Privilegios de Administrador: Si

Sistema Operativo: Windows 10

4. Herramientas Utilizadas para el Desarrollo.

- **Herramienta 1**

Lenguaje de programación: (Python) fue elegido debido a su versatilidad al momento de realizar aplicaciones, gran cantidad de librerías y documentación.

- **Herramienta 2**

Navegador Web: (Brave) fue elegido para el manejo de la interfaz del sistema y pruebas del mismo.

- **Herramienta 3**

Virtualizador: (VirtualBox) fue elegido para la instalación del servidor y para el manejo de la información.

- **Herramienta 4**

Gestor de Bases de Datos: (MariaDB) fue elegido para la administración de los registros almacenados.

- **Herramienta 5**

Herramienta Visual de Diseño de BDD: (MySQL Workbench) fue elegido para visualizar de manera gráfica la información almacenada en la BDD.

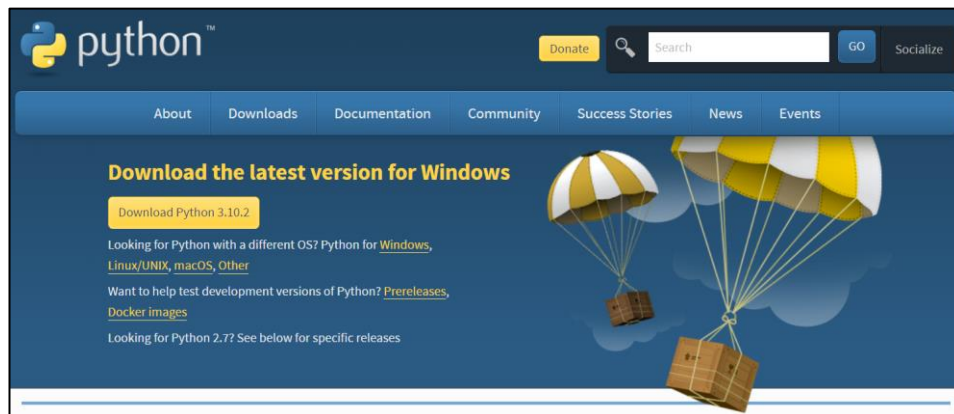
- **Herramienta 6**

Herramienta Visual de Diseño: (Visual Studio Code) fue elegido para la codificación del sistema y modificación del código fuente.

5. Instalación

Python

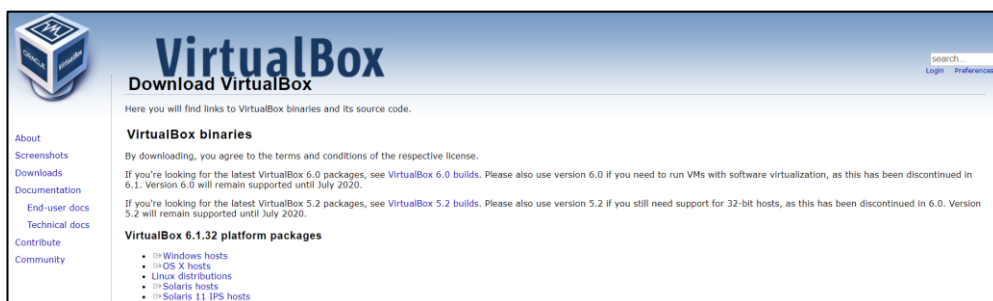
Para poder comenzar el desarrollo del sistema, es necesario utilizar el lenguaje de programación de Python, para su instalación se debe ingresar al enlace <https://www.python.org/downloads/>.



Una vez descargado el archivo, se debe proceder a la instalación por defecto. Tomando en cuenta que se debe tener habilitada la opción de “Add Python 3.10 to PATH”.

VirtualBox

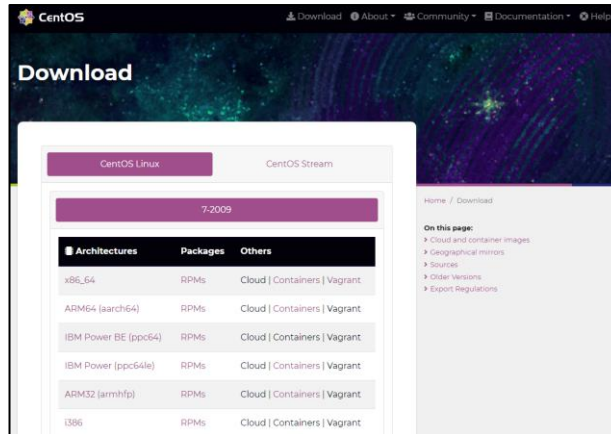
Otra herramienta importante para el desarrollo es VirtualBox, el cual nos permitirá crear una máquina virtual que servirá como servidor. Ya que toda la información del sistema esta almacenada en servidores de Linux. Para ello debemos ingresar al siguiente enlace <https://www.virtualbox.org/wiki/Downloads>.



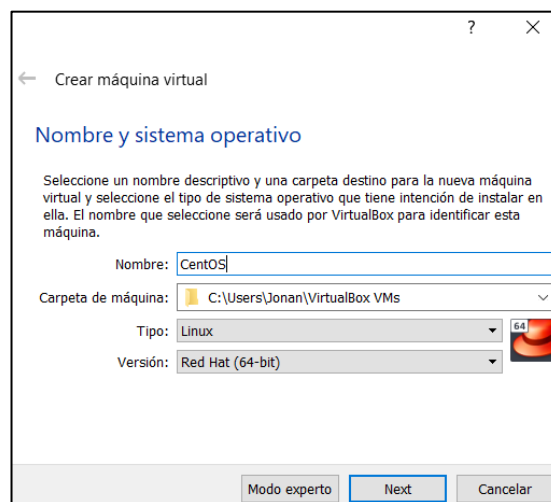
Una vez descargado, procedemos a la instalación por defecto. De tal forma que nuestro programa queda listo para su configuración.

CentOS

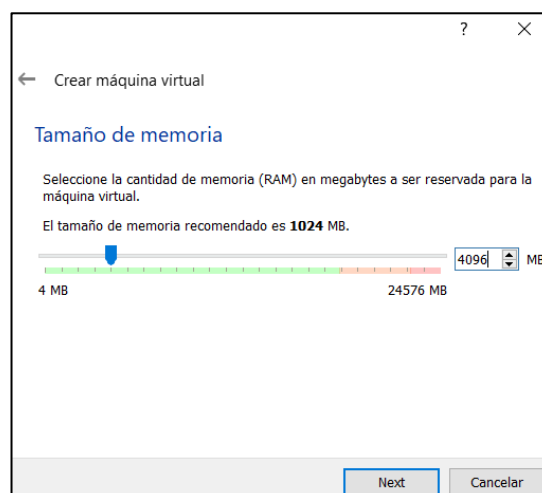
Para poder configurar nuestra máquina virtual es necesario descargar la imagen de disco del Sistema Operativo de CentOS 8, esta se la puede descargar del siguiente enlace <https://www.centos.org/download/>.



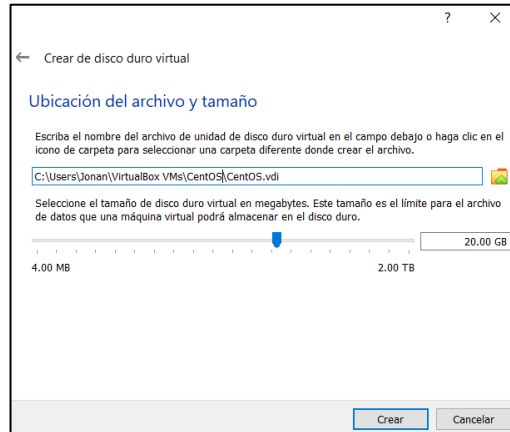
Cuando termine la descarga de la imagen, procedemos a abrir el programa VirtualBox. Seleccionamos la opción de **NUEVA** y colocamos el nombre de nuestra máquina virtual, tal como se muestra en la siguiente imagen:



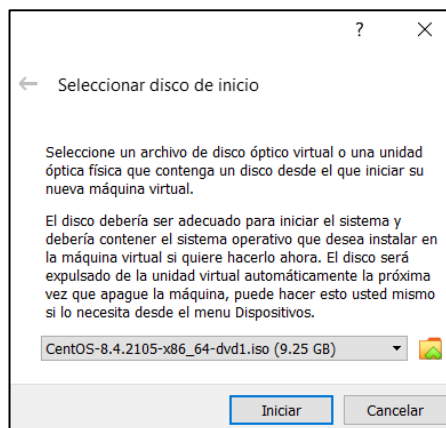
Una vez asignado el nombre, procedemos a la configuración de esta para ello, debemos determinar cuanta memoria RAM se le va a ceder. Se sugiere darle un mínimo 2GB o un máximo de 4GB o más, para un óptimo desempeño.



Con respecto al tipo de almacenamiento se debe hacer uso de un VirtualBox Disk Image reservado dinámicamente, con una capacidad de al menos 20GB.



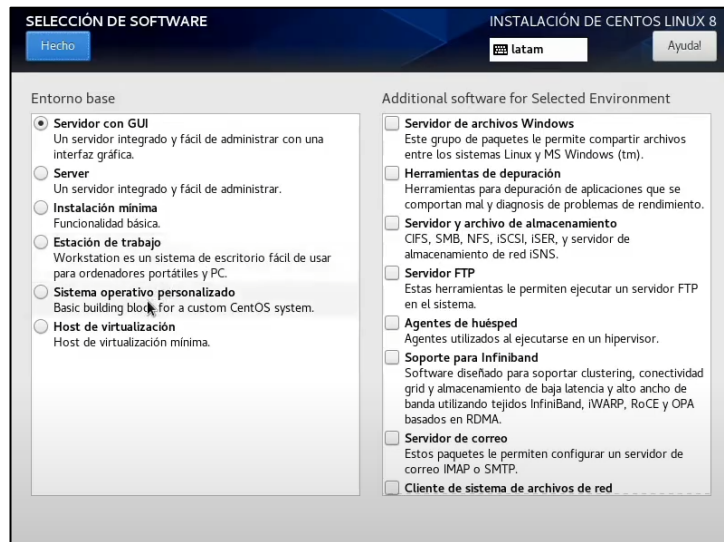
Tras finalizar la configuración, procedemos a la instalación de CentOS. Para ello seleccionamos la VM generada y hacemos click en la opción **INICIAR**, abriendo una nueva ventana donde elegiremos la imagen de CentOS a ser instalada.



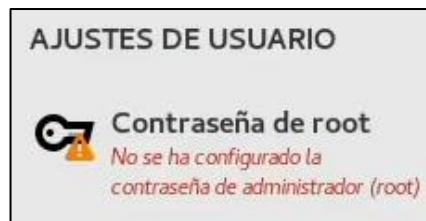
Continuando con el proceso de instalación es necesario elegir el idioma y la distribución de nuestro teclado.



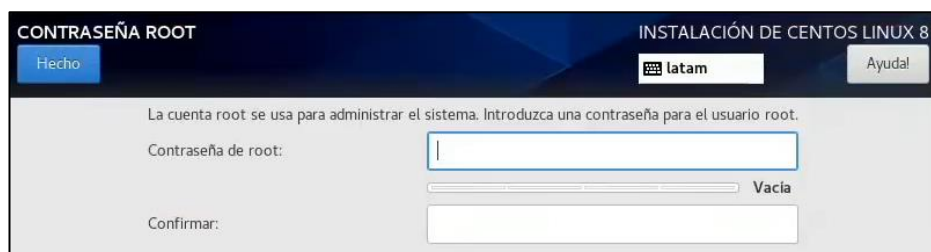
Siguiendo con la selección de software, en donde seleccionamos la opción de Servidor con GUI.



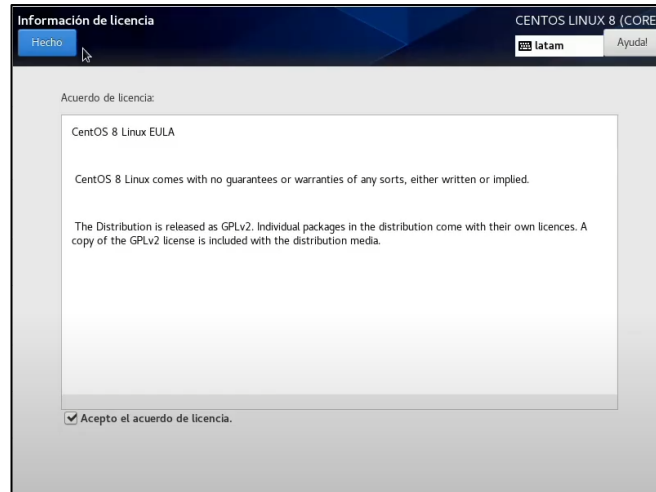
Una vez realizada la preconfiguración procedemos a la instalación y creación de una cuenta de usuario root.



En los campos ingresaremos una contraseña que podamos recordar, ya que esta nos servirá para la creación de nuevos usuarios, modificación de permisos e iniciar MariaDB.



Tras finalizar la instalación debemos aceptar la licencia de CentOS, para poder hacer uso del sistema operativo.



MariaDB

Es la base de datos utilizada para el manejo de la información, esta va a ser manejada desde el servidor, por ende se la va a instalar en el mismo. Con la máquina virtual encendida, abrimos la consola y nos logeamos con permisos de root y escribimos el siguiente comando:

```
yum install mariadb-server
```

Una vez terminada la instalación, nos mostrará la lista de los componentes y nos indicará que la instalación finalizó.

```
Instalado:
 mariadb-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-backup-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-common-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-connector-c-3.0.7-1.el8.x86_64
 mariadb-connector-c-config-3.0.7-1.el8.noarch
 mariadb-errmsg-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-gssapi-server-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-server-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 mariadb-server-utils-3:10.3.17-1.module_el8.1.0+257+48736ea6.x86_64
 perl-DBD-MYSQL-4.046-3.module_el8.1.0+203+e45423dc.x86_64
 ¡Listo!
```

Posterior a esto, procedemos a iniciar el servicio de MariaDB y ver su estatus, haciendo uso de los comandos:

```
systemctl start mariadb
```

```
systemctl status mariadb
```

```
[root@localhost ~]# systemctl status mariadb
● mariadb.service - MariaDB 10.3 database server
   Loaded: loaded (/usr/lib/systemd/system/mariadb.service; enabled; vendor preset: disabled)
   Active: active (running) since Fri 2022-02-04 17:24:13 -05; 1min 20s ago
     Docs: man:mysqld(8)
           https://mariadb.com/kb/en/library/systemd/
   Process: 1359 ExecStartPost=/usr/libexec/mysql-check-upgrade (code=exited, status=0/SUCCESS)
   Process: 1105 ExecStartPre=/usr/libexec/mysql-prepare-db-dir mariadb.service (code=exited, status=0/SUCCESS)
   Process: 1058 ExecStartPre=/usr/libexec/mysql-check-socket (code=exited, status=0/SUCCESS)
  Main PID: 1146 (mysqld)
    Status: "Taking your SQL requests now..."
     Tasks: 30 (limit: 29985)
    Memory: 101.2M
    CGroup: /system.slice/mariadb.service
           └─1146 /usr/libexec/mysqld --basedir=/usr
```

Para que MariaDB se inicie de manera automática al reiniciar la máquina virtual, es necesario ingresar el siguiente comando:

```
systemctl enable mariadb
```

```
Created symlink /etc/systemd/system/mysql.service → /usr/lib/systemd/system/mariadb.service.
Created symlink /etc/systemd/system/mysqld.service → /usr/lib/systemd/system/mariadb.service.
Created symlink /etc/systemd/system/multi-user.target.wants/mariadb.service → /usr/lib/systemd/system/mariadb.service.
[root@localhost ccordova]# mysql_secure_installation

NOTE: RUNNING ALL PARTS OF THIS SCRIPT IS RECOMMENDED FOR ALL MariaDB
SERVERS IN PRODUCTION USE! PLEASE READ EACH STEP CAREFULLY!
```

Para terminar la configuración de MariaDB, ingresamos el comando:

```
mysql_secure_installation
```

Mismo que nos permite establecer la secuencia de seguridad de MariaDB, pues hay opciones que vienen por default y no son seguras, tal como el inicio de sesión remoto y clave root de la BDD. Para esto realizamos el siguiente procedimiento:

- Presionamos enter para acceder a la configuración de la contraseña root, ya que por default está vacía.
- Ingresamos la nueva contraseña y la confirmamos.
- Después nos pide borrar los usuarios anónimos que trae por default. Presionamos “y”.
- Después deshabilitamos el acceso remoto para el usuario root. Presionamos “y”.
- Después removemos base de datos de prueba. Presionamos “y”.
- Después recargamos los privilegios. Presionamos “y”.

```
By default, MariaDB comes with a database named 'test' that anyone can
access. This is also intended only for testing, and should be removed
before moving into a production environment.

Remove test database and access to it? [Y/n] y
- Dropping test database...
... Success!
- Removing privileges on test database...
... Success!

Reloading the privilege tables will ensure that all changes made so far
will take effect immediately.

Reload privilege tables now? [Y/n] y
... Success!

Cleaning up...

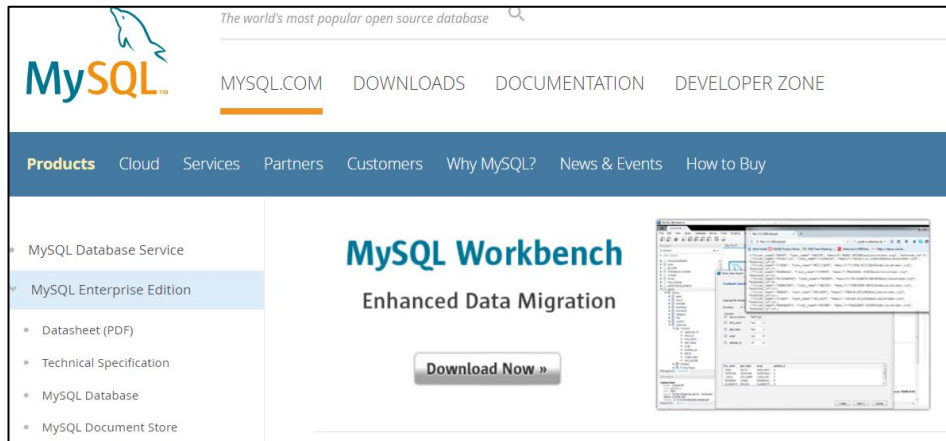
All done! If you've completed all of the above steps, your MariaDB
installation should now be secure.

Thanks for using MariaDB!
```

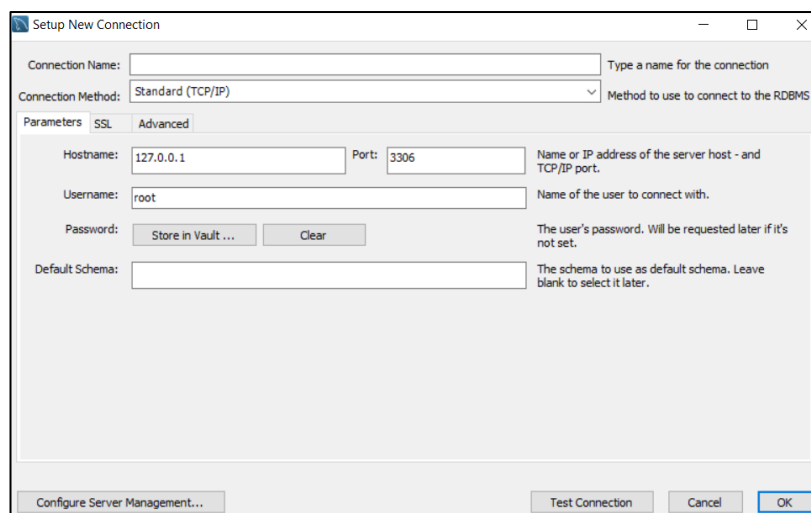
Una vez realizado todos estos pasos, ya tenemos nuestra BDD lista para poder ser utilizada en la creación del sistema y almacenamiento de información.

MySQL Workbench

Para poder manejar la data almacena en la base de datos de manera visual, es necesario hacer uso de un sistema gestor de base de datos. Para ello se debe descargar e instalar MySQL Workbench, este se lo descarga del siguiente enlace <https://www.mysql.com/products/workbench/>.



Una vez descargado, procedemos a la instalación por defecto del programa. Y configuración de este. Para ello abrimos el programa y seleccionamos la opción de nueva conexión.



En la ventana que se nos muestra, es necesario que ingresemos el nombre de la conexión, la dirección del host y las credenciales del usuario. En caso de no saber la ip del servidor, debemos ingresar el siguiente comando por consola:

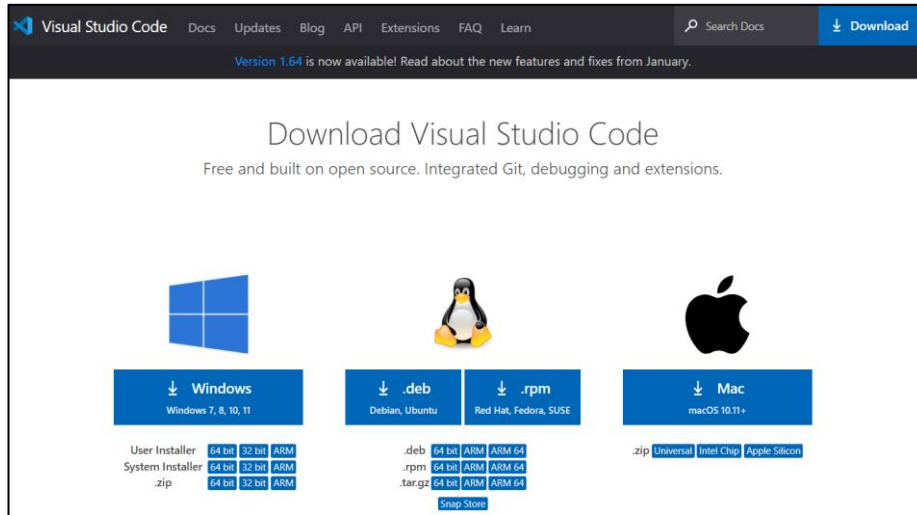
`ifconfig`

Tras verificar la ip e ingresarla en el Hostname, debemos tomar en cuenta que el firewall del servidor se encuentra deshabilitado, caso contrario no podremos acceder a la BDD. Eso se lo hace ingresando el comando:

```
systemctl stop firewalld
```

Visual Studio Code

Para el desarrollo del sistema, se hizo uso del IDE de Visual Studio Code. Mismo que puede ser descargado desde el siguiente enlace <https://code.visualstudio.com/download>.



Una vez descargado, procedemos a la instalación por defecto del programa. Cuando haya finalizado, se abrirá automáticamente el IDE, permitiéndonos crear nuestro proyecto. La ventaja de utilizar Visual Studio Code es que cada programador lo puede personalizar a su gusto y a su vez ejecutar comandos sin hacer uso de la consola.

Flask

Tras haber instalado Python y Visual Studio Code, se debe instalar el framework de desarrollo y para ello haremos uso de pip, el sistema gestor de paquetes de Python. Dentro del IDE aplastamos las teclas ctrl+ñ para abrir una nueva consola he ingresamos el siguiente comando:

```
pip install Flask
```

```
Requirement already satisfied: flask in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (1.1.2)
Requirement already satisfied: itsdangerous>=0.24 in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (from flask) (1.1.0)
Requirement already satisfied: Werkzeug>=0.15 in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (from flask) (1.0.1)
Requirement already satisfied: click>=5.1 in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (from flask) (7.1.2)
Requirement already satisfied: Jinja2>=2.10.1 in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (from flask) (2.11.2)
Requirement already satisfied: MarkupSafe>=0.23 in c:\users\gamer30\appdata\local\programs\python\python39\lib\site-packages (from Jinja2>=2.10.1->flask) (1.1.1)
```

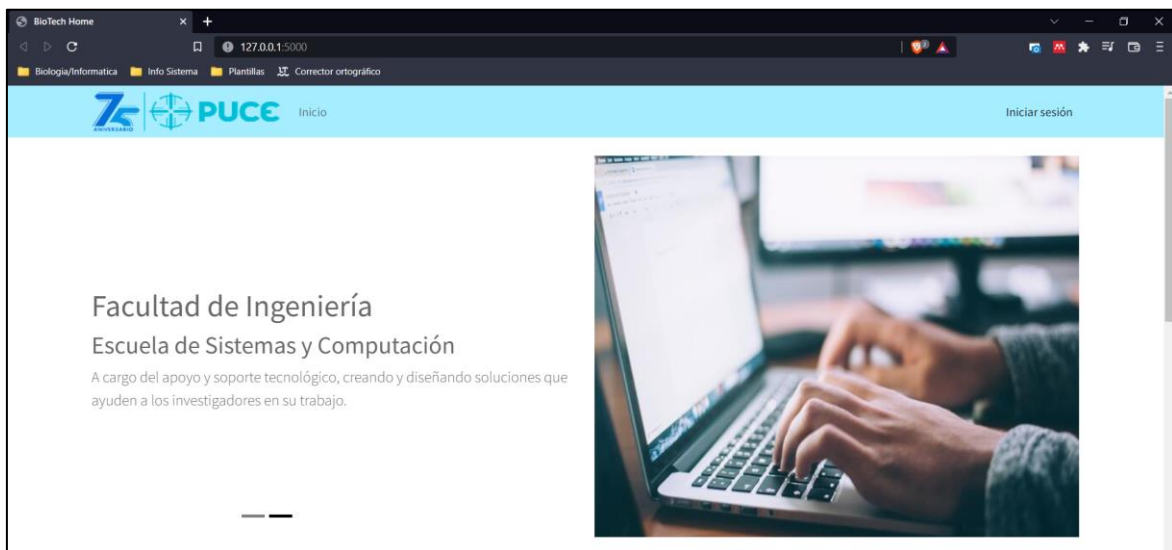
Tras finalizar la instalación, ya se puede comenzar a trabajar con el sistema. Para evitar errores de conexión con el servidor, se debe tener siempre actualizado el pip. Esto se lo hace mediante el comando:

```
-m pip install pip -upgrade
```

Prueba del Sistema

Para poder probar o hacer uso del sistema, solo debe ubicar al archivo `app.py` y hacer click en el botón de **RUN** presente en el IDE de trabajo. Dando como resultado la carga del contenido y del servidor.

```
* Serving Flask app "app" (lazy loading)
* Environment: production
  WARNING: This is a development server. Do not use it in a production deployment.
  Use a production WSGI server instead.
* Debug mode: on
* Restarting with stat
* Debugger is active!
* Debugger PIN: 870-182-052
* Running on http://127.0.0.1:5000/ (Press CTRL+C to quit)
```



6. Configuración

No hay una configuración general del sistema, ya que esta viene configurada y los comandos son intuitivos para el programador que quiera manejar el sistema.

Anexo 6 – Manual de Usuario



Manual de Usuario

Proyecto: Sistema web para la gestión de datos de información genética

Revisión 1.0

Pontificia Universidad Católica del Ecuador

Facultad de Ingeniería

Carrera de Sistemas y Computación

[Febrero]



BioTech

**MANUAL DE
USUARIO**

1. Descripción

Este sistema se encarga de administrar la información proveniente de secuenciaciones de genomas. Permitiendo a los investigadores almacenar, descargar, modificar información y compartir sus archivos desde la web.

1.1 Requerimientos

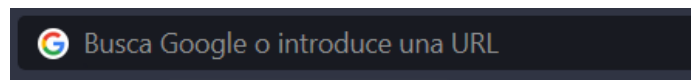
Versiones de SO compatibles:

- Windows 7, 8, 8.1, 10 y 11
- Distribuciones de Linux
- Versiones 32 y 64 bits

2. Ingreso al Sistema

Paso A

Escribir el host proporcionado por el administrador del sistema en la barra de direcciones del navegador.



Paso B

Al cargar el contenido de la página principal, seleccionar la opción de inicio de sesión. Para poder visualizar el formulario de ingreso al sistema.



Paso C

Una vez en el inicio de sesión, se debe ingresar el usuario y contraseña proporcionado por el administrador del sistema. Para poder acceder al área de trabajo.

Ingreso

🗖

¿Has olvidado tu contraseña?
Acceder

Una vez verificadas las credenciales proporcionadas, el sistema permitirá el acceso al área de trabajo del investigador.

BIOLOGÍA PUCE
☰
👤

NAVEGACIÓN

- 📁 Carpetas Personales
- 📁 Archivos Compartidos

Carpeta: /home/jbenalcazar

Contenido	Tipo	Descripción	Permisos	Opciones
Archivo1.txt	Archivo	Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Donec tempus leo quis dignissim fausucibus.	✎	🔗 📄
Archivo2.txt	Archivo	Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Donec tempus leo quis dignissim fausucibus.	✎	🔗 📄
Archivo3.txt	Archivo	Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Donec tempus leo quis dignissim fausucibus.	✎	🔗 📄
carpeta1	Carpeta	Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Donec tempus leo quis dignissim fausucibus.	✎	📁
carpeta2	Carpeta	Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Donec tempus leo quis dignissim fausucibus.	✎	📁

Anterior **1** 2 Siguiente

Conectado como: jbenalcazar Copyright © 2021 Pontificia Universidad Católica del Ecuador

3. Funciones


- Editar Información de Archivos
- Compartir Archivos
- Descargar Archivos
- Subir Archivo
- Crear Nueva Carpeta
- Perfil de Usuario
- Cerrar Sesión

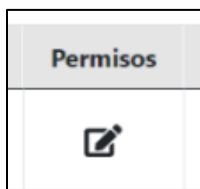
3.1 Editar Información de Archivos

Esta función se encarga de editar la descripción y permisos de los archivos que se encuentran almacenados en el sistema, ya sea porque la información es incorrecta o por cualquier otro

motivo.

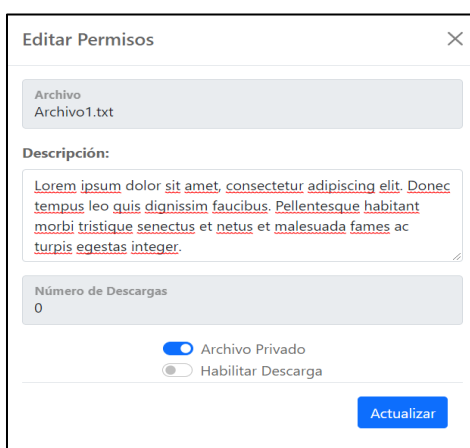
Paso A

Primero se debe presionar la opción  (Editar). Ubicada en el área de trabajo, en la sección de permisos.



Paso B

Esto abrirá una ventana como la siguiente:



Donde se podrá modificar la descripción del archivo y los permisos, que se tiene sobre el mismo.

Paso C


Una vez actualizada la información y permisos, se debe presionar el botón de “Actualizar”. Para que el sistema modifique la información en la base de datos.

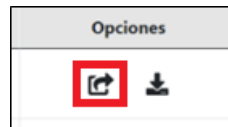


3.2 Compartir Archivos

Esta función se encarga de compartir los archivos almacenados en el sistema con otros investigadores. Tomando en cuenta que solo se visualiza los archivos pertenecientes al usuario que inicio sesión.

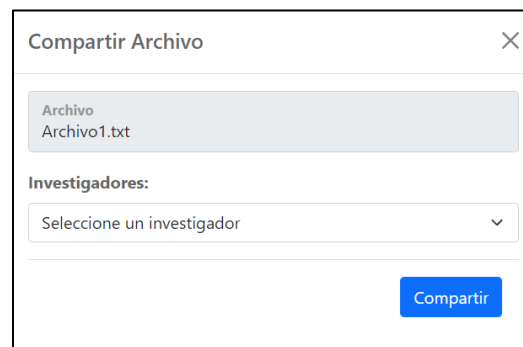
Paso A

Primero se debe presionar la opción  (Compartir). Ubicada en el área de trabajo, en la sección de opciones.



Paso B

Esto abrirá una ventana como la siguiente:



Donde se podrá seleccionar al investigador con el cual se va a compartir el archivo.

Paso C


Una vez seleccionado el investigador, se debe presionar el botón de “Compartir”. Para que el sistema comparta el archivo con otro investigador y registre la actividad en la base de datos.



3.3 Descargar Archivos

Esta función se encarga de descargar los archivos desde el servidor. Siempre y cuando las descargas se encuentren habilitadas por el dueño del archivo.

Paso A

En el archivo a descargar se debe presionar la opción  (Descargar). Ubicada en el área de trabajo, en la sección de opciones.




Una vez descargado el archivo, este se almacena en la carpeta default de descargas de nuestro sistema operativo.

3.4 Subir Archivo

Esta función se encarga de subir archivos al servidor. Siempre y cuando se encuentre dentro de una carpeta del usuario.

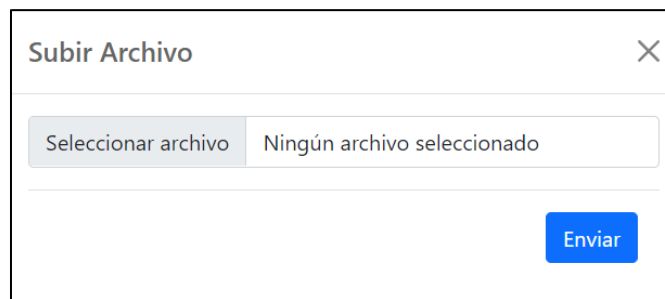
Paso A

Primero se debe presionar la opción  (Subir). Ubicada en el área de trabajo, en la esquina superior derecha.



Paso B

Esto abrirá una ventana como la siguiente:



Donde se podrá seleccionar el archivo a subir al servidor, desde el explorador por defecto del sistema operativo.

Paso C


Una vez elegido el archivo, se debe presionar el botón de “Enviar”. Para que el sistema registre la actividad en la base de datos y almacene el archivo en el servidor.



3.5 Crear Nueva Carpeta

Esta función se encarga de crear una nueva carpeta de trabajo en el servidor. Donde se podrá almacenar nuevos archivos.

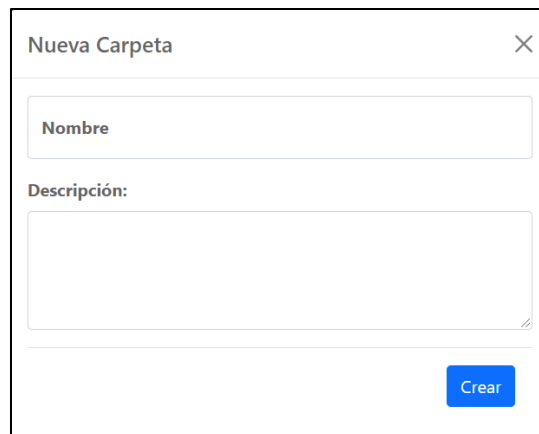
Paso A

Primero se debe presionar la opción  (Nueva Carpeta). Ubicada en el área de trabajo, en la esquina superior derecha.



Paso B

Esto abrirá una ventana como la siguiente:



Donde se podrá ingresar el nombre de la carpeta a ser creada y la descripción de esta.

Paso C


Una vez llenado los formularios, se debe presionar el botón de “Crear”. Para que el sistema registre la actividad en la base de datos y cree la carpeta en el servidor.



3.6 Perfil de Usuario

Esta función se encarga de mostrar la información de perfil del usuario que inició sesión, además de permitir la modificación de esta.

Paso A

Primero se debe presionar la opción de perfil, misma que se despliega presionando el icono , ubicado en la esquina superior derecha.



Paso B

Esto abrirá una ventana como la siguiente:



Formulario de perfil de usuario con los siguientes campos:

- NOMBRE: Jonathan Benalcázar
- INSTITUCIÓN: Pontificia Universidad Católica del Ecuador
- CORREO INSTITUCIONAL: mail@puce.edu.ec
- TIPO USUARIO: Investigador
- URL SEARCH: url_link.com
- RESUMEN HOJA DE VIDA (MAX. 500 CARACTERES): Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Pellentesque vestibulum dui tortor, et efficitur elit imperdiet at. Curabitur ligula justo, fermentum quis commodo laoreet, pharetra et enim.
- FOTO PERFIL: Seleccionar archivo (Ningún archivo seleccionado)

Botón: Actualizar

Donde se podrá modificar la información de perfil y subir una foto de perfil.

Paso C


Una vez modificada la información de perfil, se debe presionar el botón de “Actualizar”. Para que el sistema actualice la información en la base de datos.



3.7 Cerrar Sesión

Esta función se encarga de cerrar la sesión de usuario en el sistema y con el servidor.

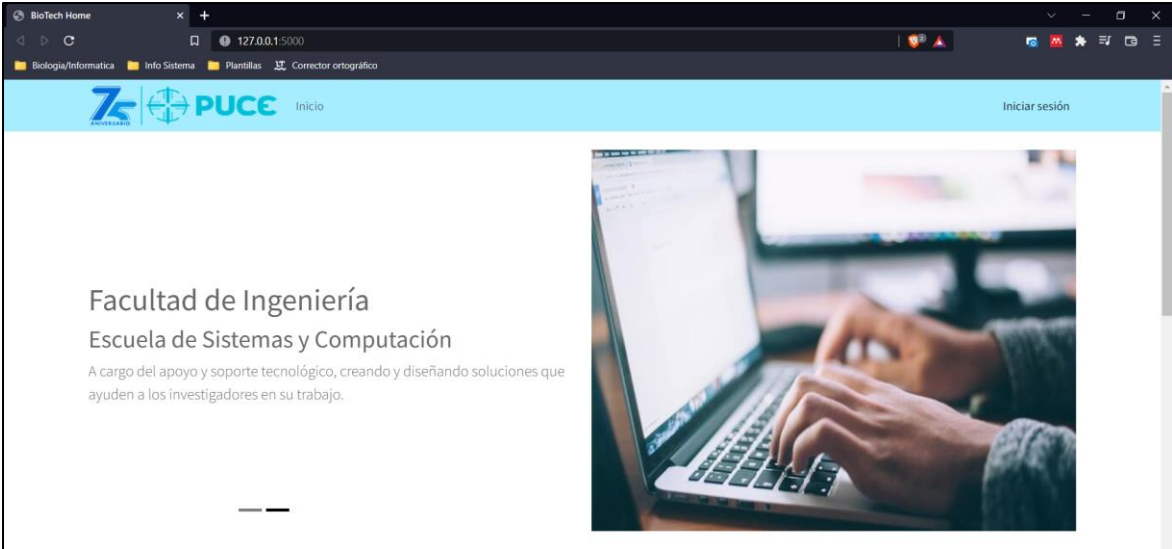
Paso A

Primero se debe presionar la opción de cerrar sesión, misma que se despliega presionando el icono , ubicado en la esquina superior derecha.



Paso B

Esto terminará con la sesión y conexión con el servidor, enviándonos a la página principal del sistema.



Anexo 7 - Librerías Utilizadas en el Desarrollo

Para poder ejecutar el sistema es necesario instalar las siguientes librerías:

- Flask (1.1.4)
- Flask-WTF
- mysql-connector
- paramiko