

**Universidad de las Ciencias Informáticas**

**Facultad 6**



Trabajo de Diploma para optar por el título de  
Ingeniero en Ciencias Informáticas

**Título: EPIGEN: “Aplicación informática para el análisis estadístico  
en estudios de Epidemiología Genética”**

**Autores:**

Dioleisys Fontela González

Leinys Guerra Machado

**Tutores:**

Ing. Yosúan Crespo García

Ing. Dayana Joseph Smarth

Ing. Raciél Evelio Ramírez Romero

**Consultante:**

Dr. Roberto Lardoeyt Ferrer

Ciudad de la Habana, junio de 2009.

“Año del 50 aniversario del triunfo de la Revolución”

*“La posibilidad de realizar un sueño es lo que hace que la vida sea interesante“.*

*Paulo Coelho.*

## DECLARACIÓN DE AUTORÍA

Declaramos ser autores de la presente tesis y reconocemos a la Universidad de las Ciencias Informáticas los derechos patrimoniales de la misma, con carácter exclusivo.

Para que así conste se firma la presente a los \_\_\_\_ días del mes de \_\_\_\_\_ del año \_\_.

Dioleisys Fontela González

Leinys Guerra Machado

---

Firma del autor

---

Firma del autor

Ing. Yosúan Crespo García

Ing. Dayana Joseph Smarth

Ing. Raciél E. Ramírez R

---

Firma del tutor

---

Firma del tutor

---

Firma del tutor

## DATOS DE CONTACTO

Tutores:

Ing. Yosúa Crespo García

Universidad de las Ciencias Informáticas, Habana, Cuba

Email: [ycgarcia@uci.cu](mailto:ycgarcia@uci.cu)

Tutores:

Ing. Dayana Joseph Smarth

Universidad de las Ciencias Informáticas, Habana, Cuba

Email: [djoseph@uci.cu](mailto:djoseph@uci.cu)

Tutores:

Ing. Raciél E. Ramírez Romero

Universidad de las Ciencias Informáticas, Habana, Cuba

Email: [reramirez@uci.cu](mailto:reramirez@uci.cu)

Consultante:

Dr. Roberto Lardoeyt Ferrer

Centro Nacional de Genética Médica, Habana, Cuba

Email: [lardgen@infomed.sld.cu](mailto:lardgen@infomed.sld.cu)

## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Revolución Cubana y al comandante en jefe Fidel Castro por darnos la oportunidad de estudiar y graduarnos en esta universidad de excelencia.

Agradecemos a los que ayudaron en nuestra formación, a nuestros familiares y amigos por su apoyo y confianza. Al Dr. Roberto y los tutores Yosúan, Dayana, Raciél y Elvismary por guiarnos y brindarnos su ayuda. A nuestros compañeros de producción del proyecto alasMEDIGEN.

A las personas que de una forma u otra han colaborado con nuestra formación como profesionales.

A todos, muchas gracias.

## DEDICATORIA

Por ser los seres más especiales y brillantes que existen en mi vida a ustedes papi, mami y Poty les dedico mi esfuerzo y sacrificio de toda esta etapa, por ser mi más preciado tesoro, por quererme tanto, por preocuparse por mi tranquilidad, por los consejos acertados, por enseñarme a transitar por la vida, por confiar en mí y haberme permitido llegar hasta aquí, por su preocupación constante, por estar a mi lado siempre a pesar de la lejanía, por la educación que me han brindado, por tenerme siempre como su niña, por darme fuerzas, por dármelo todo sin pedir nada a cambio, por ustedes y para ustedes es mi tesis.

A mi familia por el gran significado que tienen en mi corazón, por ser parte de ustedes, por ayudarme y apoyarme cuando lo he necesitado, por lo bien que me hacen sentir cuando estamos juntos, por su cariño y ternura, por su preocupación, para ustedes mi triunfo.

A mi novio Luis Carlos por cuidarme, por valorarme, por conocerme, por apoyarme, por darme fuerzas, por tu comprensión, por todo este tiempo juntos y por sobre todas las cosas por amarme.

A mi familia de la UCI: Diri, Eilen, Chini, Ira, Alejandro y Carlos por ser personas tan maravillosas.

A mi dúo de tesis Diolé por ser tan comprensivo y darme la oportunidad de desarrollar la tesis a su lado.

A mis amigos y compañeros de estudios por estar siempre presentes.

**Leinys.**

Esto no pasará de ser una simple dedicatoria, aunque quisiera poder reflejar en ella quizás lo que no pueda llegar a expresar de otra manera. Me gustaría agradecerle a la vida por darme la oportunidad de dedicar este trabajo:

A mis padres, por ser simplemente ellos, por guiar mis pasos por el camino correcto, por la entrega, amor y humildad que me han inspirado siempre.

A toda mi familia, que en todo momento han estado a mi lado y me han apoyado siempre.

A Olgui, por su amor, comprensión y ayuda en los buenos y malos momentos, gracias mi tesoro.

A Leinys, por su dedicación a este trabajo y ser una excelente compañera de tesis.

A mis amigos, los que han pasado y los que se han quedado, quienes en todo momento me acompañaron a caminar por este sendero tan duro, pero a la vez muy grato y porque todos ustedes han sido parte de la historia que de aquí en adelante podré contar.

En general, a todas aquellas personas quienes buscan emplear la ciencia en pos de ayudar a los demás.

**Dioléisys.**

## RESUMEN

En el contexto de la genética médica, clínica y humana, la Epidemiología Genética constituye una herramienta valiosa para enfocar estudios que esclarezcan la causalidad de las enfermedades genéticas y defectos congénitos. En el Centro Nacional de Genética Médica (CNGM), los estudios sobre análisis estadísticos de la Epidemiología Genética se realizan utilizando software como el SPSS, InfoStats, Statistics entre otros, los cuales no cubren todas las necesidades demandadas por los especialistas y son herramientas propietarias, requiriendo el pago de licencias en cada una de las instituciones donde se vayan a utilizar. Además, estas herramientas no arrojan un resultado completo sobre dichos estudios teniendo los especialistas que recurrir a cálculos manuales de fórmulas matemáticas muy complicadas para completar la investigación iniciada. Es significativo señalar que en el país no se cuenta con una aplicación informática de este tipo que brinde una solución a los disímiles diseños descriptivos, analíticos y experimentales que posibilite enfocar investigaciones en esta rama científica cada vez más compleja. Por lo antes expuesto el CNGM conjuntamente con la Universidad de las Ciencias Informáticas decidió que se desarrollara una aplicación de escritorio para el análisis estadístico en estudios de Epidemiología Genética (EPIGEN).

Esta aplicación informática permite la realización de estudios epidemiológicos realizando diferentes cálculos estadísticos, dando la opción de escoger el tipo de estudio que se desea realizar y graficando los valores obtenidos a partir de tablas de contingencia. Si el usuario desea, podrá salvar los estudios realizados además de poder imprimir el resultado de los mismos.

**Palabras claves:** Centro Nacional de Genética Médica, análisis estadístico, Epidemiología Genética, estudios epidemiológicos.

## TABLA DE CONTENIDOS

AGRADECIMIENTOS.....	I
DEDICATORIA.....	I
RESUMEN.....	I
INTRODUCCIÓN .....	1
<b>CAPÍTULO 1: FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA .....</b>	<b>4</b>
<b>1.1 PROCESO DE GESTIÓN DE INFORMACIÓN DE LA SALUD.....</b>	<b>4</b>
<b>1.2 SOFTWARE QUE PERMITEN REALIZAR CÁLCULOS ESTADÍSTICOS.....</b>	<b>5</b>
<b>1.3 METODOLOGÍAS DE DESARROLLO DE SOFTWARE .....</b>	<b>7</b>
1.3.1 Metodologías ágiles de desarrollo.....	7
1.3.2 Otras Metodologías de Desarrollo.....	10
1.3.3 Criterios de selección de Metodologías de Desarrollo de Software.....	14
1.3.4 ¿Por qué RUP?.....	14
<b>1.4 UML (LENGUAJE UNIFICADO DE MODELADO) .....</b>	<b>15</b>
<b>1.5 ROLES Y ARTEFACTOS .....</b>	<b>16</b>
<b>1.6 HERRAMIENTAS PARA EL MODELADO .....</b>	<b>19</b>
1.6.1 Rational Rose .....	19
1.6.2 Visual Paradigm.....	20
<b>1.7 HERRAMIENTAS DE DESARROLLO .....</b>	<b>20</b>
1.7.1 Lenguajes de programación.....	21
1.7.2 ¿Por qué Java? .....	21
1.7.3 Sistema de Control de Versiones.....	22
1.7.4 Entorno de desarrollo.....	24
<b>1.8 PATRONES DE CASOS DE USO, DISEÑO Y ARQUITECTURA. ....</b>	<b>24</b>
1.8.2 Patrones de diseño.....	26
1.8.3 Patrones de arquitectura .....	29
<b>1.9 CONCLUSIONES DEL CAPÍTULO .....</b>	<b>30</b>
<b>CAPÍTULO 2: CARACTERÍSTICAS DEL SISTEMA .....</b>	<b>31</b>
<b>2.1 OBJETO DE ESTUDIO .....</b>	<b>31</b>
2.1.1 Objetivos estratégicos de la organización .....	31
2.1.2 Flujo actual de los procesos .....	31
2.1.3 Análisis crítico de la ejecución de los procesos. ....	31
<b>2.2 OBJETO DE AUTOMATIZACIÓN.....</b>	<b>32</b>
<b>2.3 MODELO DE NEGOCIO .....</b>	<b>32</b>
<b>2.3.1 ACTORES DEL NEGOCIO.....</b>	<b>32</b>
2.3.2 Trabajadores del negocio.....	32
2.3.3 Diagrama de casos de uso del negocio.....	32
2.3.4 Descripción textual del Caso de Uso del Negocio. ....	33
2.3.5 Modelo de Objetos del Negocio.....	34



2.3.6 Diagrama de Actividades .....	34
2.3.7 Reglas del Negocio .....	34
<b>2.4 ESPECIFICACIÓN DE LOS REQUERIMIENTOS DE LA APLICACIÓN INFORMÁTICA .....</b>	<b>36</b>
2.4.1 Requerimientos Funcionales .....	36
2.4.2 Requerimientos no Funcionales. ....	38
<b>2.5 DEFINICIÓN DE LOS CASOS DE USO DEL SISTEMA .....</b>	<b>39</b>
2.5.1 Actores del Sistema.....	39
2.5.2 Paquetes del sistema. ....	39
2.5.3 Breve Descripción de los Casos de Uso del Sistema .....	41
<b>2.6 CONCLUSIONES DEL CAPÍTULO. ....</b>	<b>47</b>
<b>CAPÍTULO 3: DISEÑO DEL SISTEMA .....</b>	<b>49</b>
<b>3.1 PATRÓN DE ARQUITECTURA UTILIZADO. ....</b>	<b>49</b>
<b>3.2 PRINCIPALES PATRONES DE DISEÑO UTILIZADOS. ....</b>	<b>50</b>
<b>3.3 DIAGRAMAS DE CLASES DEL DISEÑO. ....</b>	<b>52</b>
<b>3.4 DESCRIPCIÓN DE LAS CLASES DEL DISEÑO. ....</b>	<b>60</b>
<b>3.5 DIAGRAMAS DE SECUENCIA. ....</b>	<b>69</b>
<b>3.6 MODELO DE DESPLIEGUE.....</b>	<b>73</b>
<b>3.7 CONCLUSIONES DEL CAPÍTULO. ....</b>	<b>73</b>
<b>CAPÍTULO 4: IMPLEMENTACIÓN DEL SISTEMA.....</b>	<b>74</b>
<b>4.1 DIAGRAMA DE COMPONENTES.....</b>	<b>74</b>
<b>4.2 FRAGMENTOS DE CÓDIGO FUENTE .....</b>	<b>76</b>
<b>4.3 VALIDACIÓN DE LA APLICACIÓN A NIVEL DE DESARROLLADOR.....</b>	<b>78</b>
<b>4.4 PANTALLAS DE LA APLICACIÓN.....</b>	<b>86</b>
<b>4.5 CONCLUSIONES DEL CAPÍTULO.....</b>	<b>87</b>
CONCLUSIONES .....	88
RECOMENDACIONES .....	89
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	90
BIBLIOGRAFÍA .....	92
ANEXOS.....	93
GLOSARIO DE TÉRMINOS.....	127

## ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

Ilustración 1. Metodología Extreme Programming.....	8
Ilustración 2. Proceso de desarrollo de software.....	11
Ilustración 3. RUP en dos dimensiones.....	13
Ilustración 4. Ejemplo de patrón de concordancia: Adición.....	25
Ilustración 5. Ejemplo de patrón de concordancia: Especialización.....	26
Ilustración 6. Patrón Modelo Vista Controlador.....	30
Ilustración 7. Diagrama de Casos de Uso del Negocio.....	32
Ilustración 8. Modelo de Objetos del Negocio.....	34
Ilustración 9. Diagrama de Actividades.....	34
Ilustración 10. Diagrama de paquetes del sistema.....	40
Ilustración 11. DCUS del paquete Epidemiología Tradicional.....	40
Ilustración 12. DCUS del paquete Epidemiología Genética.....	41
Ilustración 14. Patrón de arquitectura en capas.....	49
Ilustración 15. Aplicación de patrones GoF.....	50
Ilustración 16. Aplicación de patrones de diseño DCD Asociación Alélica.....	51
Ilustración 17. Diagrama de clases del diseño: CU Crear estudio de familiares.....	53
Ilustración 18. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de total de familiares.....	54
Ilustración 19. Diagrama de clase del diseño CU: Crear estudio de gemelos MZ frente a DZ.....	54
Ilustración 20. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de casos población.....	55
Ilustración 21. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de gemelos DZ frente a hermano carnal.....	55
Ilustración 22. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio clásicos en gemelos.....	56
Ilustración 23. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio asociación alélica.....	57
Ilustración 24. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio general de epidemiología tradicional.....	58
Ilustración 25. Diagrama de clases del diseño CU: Guardar estudio.....	59
Ilustración 26. Diagrama de clases del diseño CU: Graficar estudio.....	59
Ilustración 27. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de familiares.....	70
Ilustración 28. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio total de familiares.....	70
Ilustración 29. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de gemelo MZ frente a DZ.....	70
Ilustración 30. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de casos población.....	71
Ilustración 31. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de gemelo DZ frente a HC.....	71
Ilustración 32. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de clásicos en gemelos.....	71
Ilustración 33. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de asociación alélica.....	72
Ilustración 34. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio general de epidemiología tradicional.....	72
Ilustración 35. Diagrama de secuencia CU: Graficar estudio.....	72
Ilustración 36. Diagrama de secuencia CU: Guardar estudio.....	73
Ilustración 37. Diagrama de despliegue de la aplicación.....	73
Ilustración 38. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio de gemelo monocigótico frente a dicigótico.....	74
Ilustración 39. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio de familiares.....	75
Ilustración 40. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio general de epidemiología tradicional.....	75
Ilustración 41. Validación en los campos de creación del estudio.....	80
Ilustración 42. Instrumento de recolección de datos.....	80
Ilustración 43. Validación en el instrumento de recolección de datos.....	81
Ilustración 44. Obtener resultados de estudio de total de familiares.....	82
Ilustración 45. Obtener resultados de estudio de total de familiares.....	83
Ilustración 46. Obtener resultados de estudio de total de familiares. Variable cuantitativa.....	84
Ilustración 47. Obtener resultados de estudio de total de familiares. Variable cualitativa.....	84

Ilustración 48.Imprimir los resultados .....	85
Ilustración 49.Cancelar impresión .....	85
Ilustración 50.Interfaz principal de la aplicación .....	86
Ilustración 51.Interfaz estudio Epidemiología Tradicional.....	86

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Actores del negocio.....	32
Tabla 2.Trabajadores del negocio.....	32
Tabla 3.Descripción textual del Caso de Uso del Negocio .....	33
Tabla 4.Justificación de los actores del sistema.....	39
Tabla 5.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de Epidemiología Genética.....	42
Tabla 6.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de Epidemiología Tradicional..	42
Tabla 7. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de familiares. ....	43
Tabla 8. Breve descripción del caso de uso del sistema: Graficar estudio. ....	43
Tabla 9.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de total de familiares.....	43
Tabla 10.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de casos población.....	44
Tabla 11.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos. ....	45
Tabla 12.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.....	45
Tabla 13.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio clásicos en gemelos. ....	46
Tabla 14.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de asociación alélica.....	46
Tabla 15.Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio general de Epidemiología Tradicional. ....	47
Tabla 16.Breve descripción del caso de uso del sistema: Guardar estudio. ....	47
Tabla 17.Descripción de la clase Epigen .....	60
Tabla 18.Descripción de la clase MyListenerGenetica .....	61
Tabla 19. Descripción de la clase MyListener .....	61
Tabla 20.Descripción de la clase Epidemiología Genética. ....	61
Tabla 21.Descripción de la clase Epidemiología Tradicional.....	62
Tabla 22.Descripción de la clase DialogAppTradTransv. ....	62
Tabla 23.Descripción de la clase DialogAppCControles.....	63
Tabla 24.Descripción de la clase ListenerAppTrans.....	63
Tabla 25.Descripción de la clase ListenerAppCControles. ....	64
Tabla 26.Descripción de la clase ArrayListTableModel. ....	64
Tabla 27.Descripción de la clase Modelo Tabla Contingencia.....	65
Tabla 28.Descripción de la clase PanelPersonalizadoCCGenetica.....	65
Tabla 29.Descripción de la clase ModeloTablaCCGenetica.....	66
Tabla 30.Descripción de la clase PersonaTF.....	66
Tabla 31.Descripción de la clase ControlTablaCCGenetica .....	66
Tabla 32.Descripción de la clase Estudio.....	67
Tabla 33.Descripción de la clase Estudio_Epi_Genetica.....	68
Tabla 34.Descripción de la clase Estudio_Epi_Tradicional .....	69

## INTRODUCCIÓN

La Epidemiología Genética es una disciplina relativamente reciente que estudia la interacción entre los factores genéticos y ambientales que dan origen a las enfermedades del ser humano, la cual se ha desarrollado notablemente durante los últimos diez años valiéndose de marcadores genéticos desplegados a través de la biología molecular, de complejos algoritmos almacenados en computadoras y de amplias bases de datos. Con los avances en la tecnología y el conocimiento biológico que subyace en la acción de los genes, se puede decir que la “Epidemiología Genética” es una disciplina que combina el método genético con el epidemiológico para estudiar la variación genética en poblaciones humanas y su relación con los cambios fenotípicos normales y patológicos. En este contexto se evalúan la distribución y los determinantes de los rasgos genéticos en poblaciones, por ejemplo anomalías cromosómicas, abordando la interacción de los factores genéticos con los factores medioambientales en la etiología de las enfermedades en general.

Numerosas instituciones académicas y gubernamentales, especialmente en los Estados Unidos de América, Francia e Inglaterra, ofrecen programas educativos y de investigación en este campo. Las posibilidades laborales para los especialistas en esta rama son excelentes, especialmente en los países muy industrializados. La Sociedad Internacional de Epidemiología Genética posee más de 400 miembros y se encuentra en plena expansión, edita la revista mensual *Genetic Epidemiology* y organiza congresos internacionales anuales. En los países de América Latina aún no se ha creado un medio común para el desarrollo de la Epidemiología Genética y las iniciativas en este sentido suelen ser individuales y esporádicas. Tradicionalmente, los epidemiólogos se han ocupado de la relación entre el ambiente y la aparición de enfermedades; a su vez los investigadores en el campo de la genética se han ocupado de evaluar los efectos de la estructura de la población y de las fuerzas de la selección sobre la frecuencia de los rasgos genéticos.

Los estudios en este campo en el mundo han tenido un gran auge en estos últimos años, ya que se ha podido disponer de numerosa información genética gracias al material biológico perteneciente a estudios de Epidemiología Tradicional que consiste en el desarrollo del estudio epidemiológico como factor fundamental para comparar poblaciones en cuanto a alguna característica de interés (sujetos enfermos o sujetos sanos, vivos o muertos, niños o adultos, hombres o mujeres). En Cuba, la principal fortaleza de la genética es la genética comunitaria, no solo por la población que posee y por la accesibilidad de esta a los servicios médicos, sino por la organización de un sistema nacional de salud desde el nivel primario al terciario. Dado el drástico descenso en el coste de genotipado, los estudios de Epidemiología Genética suelen disponer de una gran cantidad de información y para realizar el

# Introducción

análisis estadístico de estos, es preciso utilizar un software específico que integre la mayor cantidad de funcionalidades que permitan realizar dichos análisis de forma rápida y factible.

En el Centro Nacional de Genética Médica, los estudios sobre análisis estadísticos de la Epidemiología Genética se realizan utilizando software como el SPSS, InfoStats, Statistics entre otros, los cuales no cubren todas las necesidades demandadas por los especialistas y son herramientas propietarias, requiriendo el pago de licencias en cada una de las instituciones donde se vayan a utilizar, lo que constituye un gasto considerable para el país. Además, estas herramientas no arrojan un resultado completo sobre dichos estudios teniendo los especialistas que recurrir a cálculos manuales de fórmulas matemáticas muy complicadas para completar la investigación iniciada. Es significativo señalar que en el país no se cuenta con una aplicación informática de este tipo que brinde una solución a los más disímiles diseños descriptivos, analíticos y experimentales que posibilite enfocar investigaciones en esta rama científica cada vez más compleja.

Por todo lo antes expuesto se plantea como **problema científico**: ¿Cómo contribuir a la realización de análisis estadísticos sobre estudios de Epidemiología Genética en Cuba?

Este problema se enmarca en el **objeto de estudio**: Proceso de gestión de información de la epidemiología genética en Cuba y el **campo de acción** abarcado es: Proceso de gestión de información de análisis estadísticos en estudios de Epidemiología Genética.

**Objetivo general de la investigación**: Desarrollar una aplicación informática que permita realizar análisis estadísticos sobre estudios de Epidemiología Genética.

## **Objetivos específicos de la investigación:**

- ❖ Identificar las funcionalidades que tendrá la aplicación informática.
- ❖ Diseñar la aplicación informática.
- ❖ Implementar la aplicación informática.

## **Tareas a desarrollar para cumplir los objetivos:**

- ❖ Análisis de software existentes que posibilitan realizar análisis estadísticos en la Epidemiología Genética.
- ❖ Modelación de los procesos del negocio.
- ❖ Identificación de los requerimientos de la aplicación.

- ❖ Definición de la arquitectura, herramientas y metodología a utilizar.
- ❖ Diseño de la aplicación informática.
- ❖ Implementación de componentes de la aplicación informática.

## **Estructura del documento.**

**Capítulo 1. Fundamentación teórica:** Incluye el estado del arte del tema tratado en la investigación a nivel internacional y nacional, las tecnologías, metodologías y software usados en la actualidad para darle solución al problema científico. Se exponen los roles que se desempeñan en el proceso de desarrollo y se definen los patrones de diseño y de arquitectura utilizados.

**Capítulo 2. Características del sistema:** Contiene los requerimientos funcionales y no funcionales del sistema que darán solución al problema planteado. Además se identifican los casos de uso, los actores del sistema y se brinda una breve descripción textual de los casos de uso.

**Capítulo 3. Diseño del sistema:** Se definen las clases del diseño con las que va a contar la aplicación. Se exponen los diagramas de clases del diseño, los diagramas de secuencia realizados en el diseño, así como los patrones de diseño y de arquitectura aplicados.

**Capítulo 4. Implementación del sistema:** Contiene la representación de los diagramas de componentes del sistema. Además se brinda una descripción de los principales métodos implementados, se muestran imágenes de la interfaz de la aplicación. Se hace referencia a la validación de la aplicación.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

## CAPÍTULO 1: FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA

En el presente capítulo se realiza una breve descripción del proceso de gestión de la información de la salud en Cuba así como de los esfuerzos encaminados al desarrollo de la genética comunitaria, a través de estudios realizados en el campo de la Epidemiología Genética. Se plantea el objeto de estudio, y se hace una breve explicación de sistemas automatizados vinculados al campo de acción. Además, se describen brevemente las tecnologías, las herramientas, los roles que se desarrollan y los artefactos generados, así como los patrones de diseño que se utilizan.

### 1.1 PROCESO DE GESTIÓN DE INFORMACIÓN DE LA SALUD.

Con el propósito de mantener el avance en el campo de la salud al vertiginoso nivel del progreso científico técnico mundial, se hace indispensable un equilibrio entre el conocimiento científico y la dinámica del contexto actual en el uso de las tecnologías de la informática y las comunicaciones (TICs). Por esta razón se evidencia la necesidad de nuevas aplicaciones informáticas dirigidas a elevar la calidad en la gestión de la información referente a la salud, partiendo del uso de los recursos científicos y tecnológicos disponibles.

#### 1.1.1 *La contribución de la Epidemiología Genética.*

Es fácil demostrar la utilidad de la Epidemiología Genética en el proceso de toma de decisiones relativas a la gestión de los servicios de salud, en la medida en que los servicios tengan como objetivo final atender las verdaderas necesidades de una población. Las decisiones relativas a la asignación de recursos, a la definición de las prioridades y a los objetivos que los servicios quieren lograr, no pueden tomarse sin una base de información que permita conocer los problemas y su distribución en la población objetivo.

La Epidemiología Genética no sustituye la decisión; su papel es introducir más racionalidad en la toma de decisiones. Los campos en los que puede influir son numerosos:

1. En las políticas públicas de salud, apoyando la definición de prioridades, objetivos y estrategias.
2. En la configuración de los servicios, examinando las consecuencias de la descentralización, o de la cirugía de un día, o de la reducción de los internamientos, o de la integración de los servicios en los programas.
3. En las prácticas de los profesionales, estudiando las variaciones de la eficacia y de la eficiencia.
4. En las prácticas de la gestión.



# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

5. En las prioridades de investigación. Esta contribución es necesaria tanto en el contexto de la disminución de recursos disponibles, que caracteriza a los países ricos, como en el contexto del aumento de las inversiones en el sector de la salud, que ocurre en los países de América Latina que han estado controlando la inflación y crecieron. Por consiguiente, el desafío tanto para los epidemiólogos como para los administradores es lograr el tipo de alianza que produzca políticas y estrategias que tengan un mayor impacto en el bienestar de las poblaciones.

## 1.2 SOFTWARE QUE PERMITEN REALIZAR CÁLCULOS ESTADÍSTICOS.

Fueron analizados como parte de la labor investigativa algunos programas que permiten realizar cálculos estadísticos. La mayoría de los consultados son software propietarios, los cuales contienen limitantes para su adquisición y términos de uso. Otros resultaron poco funcionales y complejos de utilizar. Todas esas características se detallan a continuación:

Statistical Package for the Social Sciences (SPSS) es un programa estadístico informático muy usado en las ciencias sociales y las empresas de investigación de mercado. Su sistema funcional está estructurado en módulos que proveen toda una serie de capacidades adicionales a las existentes en el sistema base. Al igual que el resto de las aplicaciones que utilizan como soporte el sistema operativo Windows, el sistema funciona mediante menús desplegables y cuadros de diálogos. De manera general SPSS permite crear variables sintéticas a partir de variables colineales por medio del análisis factorial y realizar agrupaciones de observaciones o de variables mediante tres algoritmos distintos. También se pueden usar variables métricas siempre que se realice el proceso de recodificación adecuado de las mismas, así como trabajar para la creación de muestras estratificadas, por conglomerados u otros tipos de muestras.

Este software presenta muchas funcionalidades desde el punto de vista estadístico pero presenta las siguientes privaciones:

- ❖ Es un software propietario, altamente costoso de adquirir su licencia, lo que significaría un gasto sustancial para la economía del país.
- ❖ Desde el punto de vista de la Epidemiología Genética, no contiene todas las funcionalidades o requisitos necesarios para realizar un estudio particular de esta ciencia.

Minitab es un programa de computadora diseñado para ejecutar funciones estadísticas básicas y avanzadas. Combina el uso de Microsoft Excel con la capacidad de ejecución de análisis estadísticos. Es un programa desarrollado en 1972 por instructores de la Universidad Estatal de Pennsylvania

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

(Pennsylvania State University), convirtiéndose en un programa de análisis estadístico del Instituto Nacional de Estándares y Tecnología (NIST) de los Estados Unidos. Como versión completa en el 2006 cuesta \$1195 USD, así como cualquier documentación y uso del mismo está limitado a sus clientes directamente. Minitab es frecuentemente usado para el control de calidad, enseñanza de estadística e investigación.

InfoStat es un programa estadístico desarrollado en el ambiente Windows que ofrece una interface avanzada para el manejo de datos basada en el difundido concepto de planilla electrónica. Permite importar y exportar bases de datos en formato Paradox, texto o dbase. Posee rápido acceso a herramientas para el manejo de datos como por ejemplo editar fórmulas, transformar, clasificar, categorizar variables y generar variables aleatorias mediante el uso de la simulación. Las capacidades de copia y pegado permiten trasladar fácilmente tablas, resultados y gráficos a otras aplicaciones Windows.

En 2008 se ha vinculado a InfoStat con el lenguaje R permitiendo expandir las potencialidades de esta aplicación mediante la creación de interfaces amigables a procedimientos complejos como el ajuste de modelos lineales mixtos.

Para que un usuario pueda trabajar con InfoStat y mantener actualizado el software tiene que adquirir su licencia, abonando una suma de dinero considerable.

PSPP es una herramienta para el análisis estadístico de muestras de datos. Lee un fichero de sintaxis y un fichero de datos, analiza los datos, y escribe los resultados en una lista de ficheros o por la salida estándar. El lenguaje aceptado por PSPP es parecido a los aceptados por los productos estadísticos de SPSS. PSPP produce salidas de dos maneras: tablas y diagramas. En ambos casos, se pueden escribir en varios formatos; actualmente soporta: ASCII, PostScript, y HTML. La versión actual de PSPP, 0.4.0, está muy incompleto en términos de soporte de procedimientos estadísticos. PSPP está actualmente en fase de desarrollo, distribuido bajo Licencia: GNU General Public License (GPL) con una interfaz Terminal/Consola, algo poco amigable para el usuario que lo utilice. **(PSPP 2008)**

Se ha podido evidenciar que el desarrollo de software de análisis estadístico ha ido en ascenso en los últimos años, pero ninguno tiene las funcionalidades necesarias que permitan realizar análisis estadísticos de Epidemiología Genética. La mayoría de estos sistemas presentan limitantes que impiden su utilización fuera del marco para el cual fueron diseñados. Teniendo en consideración estas deficiencias y que no todos los genetistas a nivel nacional tienen la posibilidad de conectarse a la Red

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

Nacional de Salud, se decide realizar una aplicación de escritorio capaz de integrar en una plataforma amigable, las ideas y conceptos que a lo largo de este capítulo se han ido introduciendo y que pueda ser distribuida por todos los municipios del país.

## **1.3 METODOLOGÍAS DE DESARROLLO DE SOFTWARE**

Las metodologías de desarrollo de software son un conjunto de procedimientos, técnicas y ayudas a la documentación para el desarrollo de productos de software. Una metodología puede seguir uno o varios modelos de ciclo de vida, es decir, el ciclo de vida indica que es lo que hay que obtener a lo largo del desarrollo del proyecto pero no como hacerlo (**JACOBSON 2000**). La metodología indica cómo hay que obtener los distintos productos parciales y finales. Entre los procesos de desarrollo más conocidos se tienen: Programación Extrema (Extreme Programming, XP), clasificado como metodología ágil y Proceso Unificado de Desarrollo (Rational Unified Process, RUP), que se clasifica como método pesado.

Lo más importante antes de elegir la metodología que se usará para la implementación de un software, es determinar el alcance que tendrá el mismo y ver cuál es la más conveniente para el desarrollo de la aplicación.

### **1.3.1 Metodologías ágiles de desarrollo**

Las metodologías ágiles son estrategias de desarrollo de software que promueven prácticas que son adaptativas en vez de predictivas, centradas en las personas o en los equipos, iterativas, orientadas hacia prestaciones y hacia la entrega, de comunicación intensiva y que requieren que el cliente se involucre de forma directa. (**MONTEJANO 2006**)

Lo fundamental en este tipo de metodología es:

- ❖ La comunicación entre los usuarios y los desarrolladores.
- ❖ La simplicidad al desarrollar y codificar los módulos del sistema.
- ❖ La retroalimentación concreta y frecuente del equipo de desarrollo, el cliente y los usuarios finales.

Entre las metodologías ágiles más usadas en la actualidad se pueden nombrar:

- ❖ Extreme Programming.
- ❖ Scrum.
- ❖ Feature Driven Development.
- ❖ Adaptive Software Development.

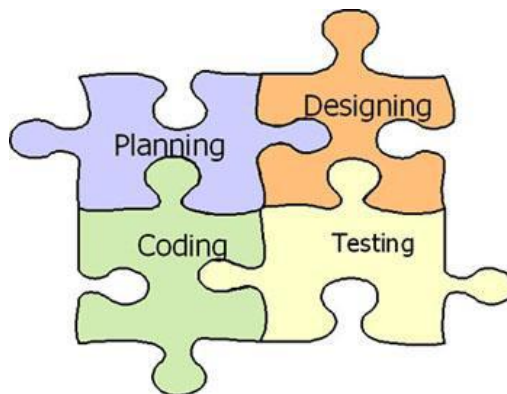
# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

A continuación se aborda un breve resumen de algunas de estas metodologías para tener conocimiento general de cada una de ellas.

## Extreme Programming

En el desarrollo de un software los desarrolladores se enfrentan a un reto importante, desarrollar con calidad y en el menor tiempo posible. Con el transcurso del tiempo y a medida que revoluciona la producción de software a nivel mundial, se han ido creando metodologías y procesos que aceleran, fortalecen y mejoran la producción. La filosofía de XP es satisfacer al completo las necesidades del cliente, por eso lo integra como una parte más del equipo de desarrollo.

XP fue inicialmente creada para el desarrollo de aplicaciones donde el cliente no sabe muy bien lo que quiere, lo que provoca un cambio constante en los requisitos que debe cumplir la aplicación. Por este motivo es necesaria una metodología ágil como XP que se adapta a las necesidades del cliente y dónde la aplicación se va reevaluando en períodos de tiempo cortos. **(ROBLES 2002)**



**Ilustración 1. Metodología Extreme Programming.**

XP está diseñada para el desarrollo de aplicaciones que requieran un grupo de programadores pequeño, dónde la comunicación sea más factible que en grupos de desarrollo grandes. La comunicación es un punto importante y debe realizarse entre los programadores, los jefes de proyecto y los clientes. Las características esenciales de esta metodología son las siguientes:

- ❖ **Comunicación:** Los programadores están en constante comunicación con los clientes para satisfacer sus requisitos y responder rápidamente a los cambios de los mismos. Muchos problemas que surgen en los proyectos se deben a que después de concretar los requisitos que debe cumplir el programa no hay una revisión de los mismos, pudiendo dejar olvidados puntos importantes.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Simplicidad: Codificación, diseños simples y claros. Muchos diseños son tan complicados que cuando se quieren ampliar resulta imposible hacerlo, se tienen que desechar y partir de cero.
- ❖ Realimentación: Mediante la realimentación se ofrece al cliente la posibilidad de conseguir un sistema apto a sus necesidades ya que se le va mostrando el proyecto a tiempo para poder ser cambiado y poder retroceder a una fase anterior para rediseñarlo a su gusto.

XP no es recomendable aplicarla al desarrollo de la herramienta debido a que la misma exige la integración total del cliente al equipo de trabajo; condición con la cual no se cuenta, pues el cliente es un agente externo al equipo de trabajo.

## **Feature Driven Development.**

Esta metodología ágil de desarrollo de software define un proceso iterativo que consta de cinco pasos. Las iteraciones son cortas con duración hasta de dos semanas, centrándose fundamentalmente, en las fases de diseño e implementación del sistema partiendo de una lista de características que debe reunir el software. **(H. CANÓS 2006)**

## **Adaptive Software Development.**

Las características principales de esta metodología son: iterativo, orientado a los componentes de software más que a las tareas y tolerante a los cambios. Propone un ciclo de vida de tres fases: especulación, colaboración y aprendizaje. En la primera de ellas se inicia el proyecto y se planifican las características del software; en la segunda se desarrollan las características y finalmente en la tercera se revisa su calidad y se entrega al cliente. La revisión de los componentes sirve para aprender de los errores y volver a iniciar el ciclo de desarrollo.

## **Scrum**

Esta metodología define un marco para la gestión de proyectos, que se ha utilizado con éxito durante los últimos diez años. Está especialmente indicada para proyectos con un rápido cambio de requisitos. Posee dos características fundamentales: desarrollo de software mediante iteraciones, denominadas sprints (el resultado de cada sprint es un incremento ejecutable que se muestra al cliente), con una duración de treinta días y reuniones a lo largo del proyecto, destacando la reunión diaria de quince minutos del equipo de desarrollo para coordinación e integración. **(MOUSQUÉS 2004)** No es una metodología de análisis, ni de diseño, es una metodología de gestión del trabajo. Por otra parte Scrum puede ser aplicado a distintos modelos de calidad.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

Ciclo de vida de Scrum:

- ❖ Pre-juego, Planeamiento: El propósito es establecer la visión, definir expectativas y asegurarse la financiación. Las actividades son la escritura de la visión, el presupuesto, el registro de acumulación o retraso del producto inicial y los ítems estimados, así como la arquitectura de alto nivel, el diseño exploratorio y los prototipos.
- ❖ Pre-juego, Montaje: El propósito es identificar más requerimientos y priorizar las tareas para la primera iteración. Las actividades son planificación, diseño exploratorio y prototipos.
- ❖ Juego, Desarrollo: El propósito es implementar un sistema listo para entrega en una serie de iteraciones. Las actividades son un encuentro de planeamiento de carreras cortas en cada iteración, la definición del registro de acumulación de carreras cortas y los estimados, y encuentros diarios de Scrum.
- ❖ Pos-juego, Liberación. El propósito es el despliegue operacional. Las actividades son documentación, entrenamiento, mercadeo y venta.

## 1.3.2 Otras Metodologías de Desarrollo

### Microsoft Solution Framework (MSF).

Esta es una metodología flexible e interrelacionada con una serie de conceptos, modelos y prácticas de uso, que controlan la planificación, el desarrollo y la gestión de proyectos tecnológicos. MSF se centra en los modelos de proceso y de equipo dejando en un segundo plano las elecciones tecnológicas. (**Microsoft Solutions Framework 2006**)

Características de MSF:

- ❖ Escalable: Puede organizar equipos tan pequeños como de tres ó cuatro personas, así como, proyectos que requieren cincuenta personas o más.
- ❖ Flexible: Es utilizada en el ambiente de desarrollo de cualquier cliente.
- ❖ Tecnología agnóstica: Puede ser usada para desarrollar soluciones basadas sobre cualquier tecnología.

MSF se compone de varios modelos encargados de planificar las diferentes partes implicadas en el desarrollo de un proyecto:

- ❖ Modelo de Arquitectura del Proyecto: Diseñado para acortar la planificación del ciclo de vida. Este modelo define las pautas para construir proyectos empresariales a través del lanzamiento de versiones.
- ❖ Modelo de Equipo: Este modelo ha sido diseñado para mejorar el rendimiento del equipo de desarrollo. Proporciona una estructura flexible para organizar los equipos de un proyecto.

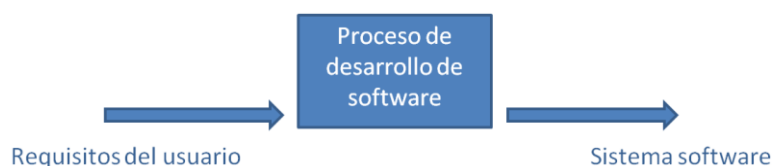
# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

Puede ser escalado dependiendo del tamaño del proyecto y del equipo de personas disponibles.

- ❖ **Modelo de Proceso:** Diseñado para mejorar el control del proyecto, minimizando el riesgo, y aumentar la calidad acortando el tiempo de entrega. Proporciona una estructura de pautas a seguir en el ciclo de vida del proyecto, describiendo las fases, las actividades, la liberación de versiones y explicando su relación con el Modelo de Equipo.
- ❖ **Modelo de Gestión del Riesgo:** Diseñado para ayudar al equipo a identificar las prioridades, tomar las decisiones estratégicas correctas y controlar las emergencias que puedan surgir. Este modelo proporciona un entorno estructurado para la toma de decisiones y acciones valorando los riesgos que puedan provocar.
- ❖ **Modelo de Diseño del Proceso:** Diseñado para distinguir entre los objetivos empresariales y las necesidades del usuario. Proporciona un modelo centrado en el usuario para obtener un diseño eficiente y flexible a través de un enfoque iterativo. Las fases de diseño conceptual, lógico y físico proveen tres perspectivas diferentes para los tres tipos de roles: los usuarios, el equipo y los desarrolladores.
- ❖ **Modelo de Aplicación:** Diseñado para mejorar el desarrollo, el mantenimiento y el soporte, proporciona un modelo de tres niveles para diseñar y desarrollar aplicaciones software. Los servicios utilizados en este modelo son escalables, y pueden ser usados en un solo ordenador o incluso en varios servidores.

## Proceso unificado de desarrollo de software

El Proceso unificado de desarrollo de software (RUP) es frecuentemente utilizado en el desarrollo de software. RUP es el conjunto de actividades necesarias para transformar los requisitos de un usuario en un sistema software. (Ver Ilustración. 2)



**Ilustración 2. Proceso de desarrollo de software**

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

RUP es más que un simple proceso; es un marco de trabajo genérico que puede especializarse para una gran variedad de sistemas de software, para diferentes áreas de aplicación, diferentes tipos de organizaciones, diferentes niveles de aptitud y diferentes tamaños de proyecto. **(VALENCIA 2005)**

Existen tres características claves presentes en RUP, ellas son: dirigido por casos de uso, centrado en la arquitectura, e iterativo e incremental.

- ❖ Dirigido por casos de uso: Teniendo en cuenta que la razón de ser de un sistema es brindar servicios a los usuarios, RUP define caso de uso como el conjunto de acciones que debe realizar un sistema para dar un resultado de valor a un determinado usuario y los utiliza tanto para especificar los requisitos funcionales del sistema, como para guiar todos los demás pasos de su desarrollo, dígase diseño, implementación y prueba.
- ❖ Centrado en la arquitectura: La arquitectura es una vista del diseño completo con las características más importantes, dejando a un lado los detalles. Esta no solo incluye las necesidades de los usuarios e inversores, sino también otros aspectos técnicos como el hardware, sistema operativo, sistema de gestión de base de datos, protocolos de red; con los que debe coexistir el sistema. En otras palabras, la arquitectura representa la forma del sistema, la cual va madurando en su interacción con los casos de uso hasta llegar a un equilibrio entre funcionalidad y características técnicas.
- ❖ Iterativo e incremental: La alta complejidad de los sistemas actuales hace que sea factible dividir el proceso de desarrollo en varios mini-proyectos. Cada uno de estos mini-proyectos se les denomina iteración y pueden o no representar un incremento en el grado de terminación del producto completo. En cada iteración los desarrolladores seleccionan un grupo de casos de uso, los cuales se diseñan, implementan y prueban.

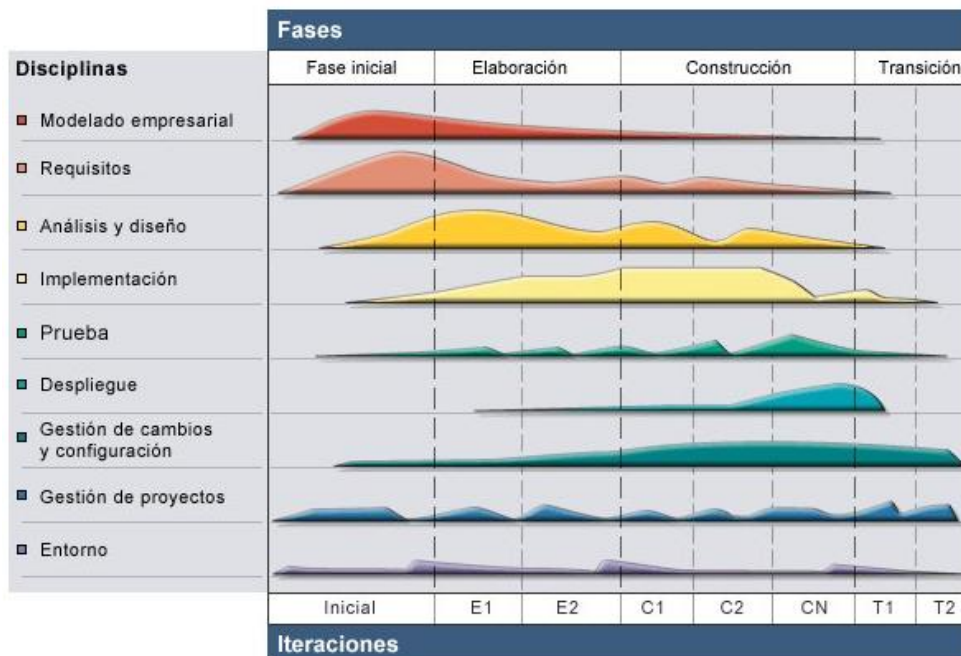
RUP elimina los errores cometidos en las iteraciones previas, logra así que al final del proceso se obtenga como resultado un producto de calidad. Para eso se agrupan las actividades en grupos lógicos definiéndose nueve flujos de trabajo principales divididos en cuatro fases. Los seis primeros flujos son conocidos como flujos de ingeniería y los tres últimos como de apoyo. Las fases de esta metodología son las siguientes:



# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Inicio: El objetivo en esta etapa es determinar la visión del proyecto, los objetivos del software, se describe el negocio y se delimita el proyecto describiendo su alcance con la identificación de los casos de uso del sistema.
- ❖ Elaboración: En esta etapa el objetivo fundamental es definir la arquitectura del sistema. Ya en esta fase se obtiene una aplicación ejecutable que responde a los casos de uso más significativos arquitectónicamente.
- ❖ Construcción: En esta fase el objetivo es llegar a obtener la funcionalidad operativa del producto, es decir, un producto listo para su utilización que está documentado, tiene un manual de usuario y ha pasado las pruebas.
- ❖ Transición: El objetivo es llegar a obtener una versión del producto listo para su instalación en las condiciones reales. Esta etapa puede implicar también reparación de errores.

En la siguiente figura se puede encontrar el gráfico conocido por RUP en dos dimensiones, donde se representan los flujos mencionados y la fase en que cada uno de ellos cobra su mayor desempeño.



**Ilustración 3.RUP en dos dimensiones.**

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

## **1.3.3 Criterios de selección de Metodologías de Desarrollo de Software.**

Debe ajustarse a los objetivos: cada aproximación al desarrollo de software está basada en unos objetivos. Por ello la metodología que se elija debe recoger el aspecto filosófico de la aproximación deseada, es decir que los objetivos generales del desarrollo deben estar implementados en la misma.

**(Metodologías de Desarrollo de Software 2007)**

Debe cubrir el ciclo entero de desarrollo del software: Para ello la metodología debe cubrir todas las etapas de desarrollo del software. Debe integrar las distintas fases del ciclo de desarrollo. Debe incluir la realización de validaciones: La metodología debe detectar y corregir los errores cuanto antes. Uno de los problemas más frecuentes y costosos es el aplazamiento de la detección y corrección de problemas en las etapas finales del proyecto. Cuanto más tarde sea detectado el error más caro será corregirlo.

Debe especificar claramente los responsables de los resultados: debe especificar claramente quienes son los participantes de cada tarea a desarrollar, debe detallar de una manera clara los resultados de los que serán responsables.

Debe poder enseñarse: cada integrante del equipo de desarrollo debe entender las técnicas específicas de la metodología, los procedimientos organizativos y de gestión que la hacen efectiva, las herramientas automatizadas que soportan la metodología y las motivaciones que subyacen en ella.

Debe estar soportada por herramientas CASE (Computer Aided Software Engineering): La metodología debe estar soportada por herramientas automatizadas que mejoren la productividad, tanto del ingeniero de software en particular, como la del desarrollo en general. El uso de estas herramientas reduce el número de personas requeridas y la sobrecarga de comunicación, además de ayudar a producir especificaciones y diseños con menos errores, más fáciles de probar, modificar y usar.

## **1.3.4 ¿Por qué RUP?**

Después de haber realizado un exhaustivo análisis de las metodologías de desarrollo de software existentes y teniendo en cuenta los criterios para la selección de la Metodología de Desarrollo de Software, para llevar a cabo el desarrollo de la propuesta del presente trabajo se ha decidido utilizar como metodología el Proceso Unificado de Desarrollo de Software (RUP) ya que captura varias de las mejores prácticas en el desarrollo moderno de software en una forma que es aplicable para un rango amplio de proyectos y organizaciones. Es una guía efectiva de cómo utilizar de manera efectiva UML (Lenguaje Unificado de Modelado) y le proporciona a cada miembro de un equipo fácil acceso a una base de conocimientos con guías, plantillas y herramientas para todas las actividades críticas de desarrollo. Esta metodología crea y mantiene modelos, en lugar de enfocarse en la producción de una

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

gran cantidad de papeles de documentación. En el caso de XP, se considera que es una metodología relativamente joven para proyectos cortos y simples.

## 1.4 UML (LENGUAJE UNIFICADO DE MODELADO).

UML es un lenguaje para especificar, construir, visualizar y documentar los artefactos (información que se utiliza o produce mediante un proceso de software). Este lenguaje de modelado no es una guía para realizar el análisis y diseño orientado a objetos, es decir, no es un proceso, es un lenguaje que permite la modelación de sistemas con tecnología orientada a objetos. El modelado visual permite manejar la complejidad de los sistemas a analizar o diseñar. Un modelo es expresado en un lenguaje de modelado compuesto por vistas, elementos de modelos y un conjunto de mecanismos generales o reglas que indican cómo utilizar los elementos. Las vistas muestran diferentes aspectos del sistema modelado. Una vista es una abstracción que se puede definir como una fotografía completa del sistema. Los diagramas son la representación gráfica de un conjunto de elementos describiendo el contenido de una vista y visualizan un sistema desde diferentes perspectivas. UML intenta solucionar el problema de propiedad de código que ocurre con muchos desarrolladores. Al implementar un lenguaje de modelado común para todos los desarrolladores se crea una documentación común, de manera que cualquier desarrollador con conocimientos de UML será capaz de entender, independientemente del lenguaje utilizado para este. **(García, 2005)** Su utilización es independiente del lenguaje de programación y de las características de los proyectos, ya que UML ha sido diseñado para modelar cualquier tipo de proyectos, tanto informáticos como de arquitectura, o de cualquier otra rama. De forma general las principales características de UML son:

- ❖ Lenguaje unificado para la modelación de sistemas.
- ❖ Tecnología orientada a objetos.
- ❖ El cliente participa en todas las etapas del proyecto.
- ❖ Corrección de errores viables en todas las etapas.
- ❖ Aplicable para tratar asuntos de escala inherentes a sistemas complejos de misión crítica, tiempo real y cliente/servidor.

Ventajas de UML:

- ❖ Mayor rigor en la especificación.
- ❖ Permite realizar una verificación y validación del modelo realizado.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Se pueden automatizar determinados procesos y permite generar código a partir de los modelos y a la inversa (a partir del código fuente generar los modelos). Esto permite que el modelo y el código estén actualizados, con lo que siempre se puede mantener la visión en el diseño, de más alto nivel, de la estructura de un proyecto.

## 1.5 ROLES Y ARTEFACTOS

Un rol es una definición abstracta de un conjunto de actividades realizadas y de artefactos obtenidos. Los roles son realizados típicamente por un individuo, o un conjunto de individuos, trabajando juntos en un equipo. Un miembro del equipo del proyecto cumple normalmente muchos roles. Los roles no son individuos; sino que describen cómo los individuos se comportan en el negocio y que responsabilidades tienen.

La Metodología RUP define un conjunto de roles, pero de acuerdo con las necesidades y características de esta investigación los roles que se desempeñarán serán: Analista del Proceso de Negocio, Diseñador del Negocio, Analista del Sistema, Diseñador de la Interfaz de Usuario, Diseñador, Implementador y Arquitecto de Software, pertenecientes al grupo de roles que define le mencionada metodología. A continuación se describen cada una de las funcionalidades que desempeña cada rol y los diferentes artefactos que generan.

El **Analista del Proceso de Negocio** conduce y coordina el caso de uso del negocio que modela, contorneando y delimitando la organización que es modelada; por ejemplo, el establecer que actores del negocio y casos de uso del negocio existen y como trabajan entre ellos. Es responsable de la arquitectura del negocio. **(UCI 2008)**

El rol de **Diseñador del Negocio** detalla la especificación de una parte de la organización describiendo el flujo de trabajo de uno o varios casos de uso del negocio. Este rol especifica los trabajadores del negocio y las entidades de negocio necesarios para realizar un caso de uso del negocio y distribuye el comportamiento del caso de uso del negocio a éstos. Define las responsabilidades, las operaciones, las cualidades, y las relaciones de uno o varios trabajadores del negocio y entidades de negocio.

Los artefactos que serán concebidos por estos roles serán los siguientes:

- ❖ Modelo de casos de uso del negocio: Describe los procesos de negocio de una empresa en términos de casos de uso y actores del negocio, que se corresponden con los procesos del negocio y los clientes, respectivamente.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Modelo de objetos del negocio: Es un modelo de objetos que describe cómo colaboran los trabajadores y las entidades del negocio dentro del flujo de trabajo del proceso de negocio.
- ❖ Especificaciones complementarias del negocio: Otras descripciones contenidas en documentos u obtenidas por otras vías; que permitan un mayor entendimiento del negocio y que contribuyan a su modelado.
- ❖ Glosario de términos: Lista de concepto asociados al negocio que son comúnmente usados y que deben ser del dominio del equipo de desarrollo para poder modelar el negocio y dar una solución a la problemática encontrada.
- ❖ Glosario de negocios: define los términos más importantes utilizados en la modelación de negocios como parte del proyecto.
- ❖ Regla de negocio: declaración de política o una condición que deba cumplirse.

El rol de **Analista del Sistema** conduce y coordina los requerimientos y los casos de uso modelando y delimitando la funcionalidad del sistema y delimitando el sistema; por ejemplo, estableciendo que actores y casos de uso existen y cómo interactúan.

Los artefactos que serán generados por este rol serán los siguientes:

- ❖ Modelo de casos de uso: Este artefacto es la base para el acuerdo entre las partes interesadas (cliente) y el equipo del proyecto (desarrolladores), en relación con la funcionalidad para el sistema. Además, ayuda a orientar las diversas tareas en el ciclo de vida de desarrollo de software y capta un modelo del sistema de funciones y su entorno.
- ❖ Casos de Uso: Este artefacto captura la secuencia de acciones que un sistema realiza, que produce un resultado observable de valor a su interacción con el sistema. Los casos de uso describen los requisitos de comportamiento para el sistema, y los diferentes usuarios se benefician de diversas maneras: los clientes los usan para describir, o aprobar, la descripción del comportamiento del sistema, los usuarios potenciales los usan para entender el comportamiento del sistema, los desarrolladores los usan para entender los comportamientos requeridos del sistema de tal manera que ellos puedan identificar clases desde el flujo de eventos de los casos de uso.
- ❖ Glosario de términos: Este artefacto define términos importantes usados por el proyecto. Estos términos son las bases para una colaboración efectiva con los stakeholders y otros miembros del equipo.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

El rol de **Diseñador de la Interfaz de Usuario** coordina el diseño de la interfaz de usuario. Esto incluye recopilar los requisitos de utilización y los diseños de interfaz de usuario candidata a la creación de prototipos para cumplir estos requisitos.

Los artefactos que serán concebidos por este rol serán los siguientes:

- ❖ Mapa de navegación: describe la estructura de los elementos de interfaz de usuario del sistema, junto con las vías de navegación potenciales.
- ❖ Prototipo de interfaz de usuario: es un ejemplo de la interfaz de usuario. Se utiliza para explorar y/o validar el diseño de la interfaz de usuario.

El rol de **Diseñador** define las responsabilidades, las operaciones, los atributos, y las relaciones de una o varias clases y determina cómo serán ajustadas al ambiente de implementación.

Los artefactos que serán concebidos por este rol serán los siguientes:

- ❖ Clases del análisis: se especifican los elementos de un modelo conceptual temprano para cosas del sistema que tienen responsabilidades y comportamiento.
- ❖ Clases del diseño: es una descripción de un conjunto de objetos que comparten las mismas responsabilidades, relaciones, operaciones, atributos y semánticas.
- ❖ Realización de casos de uso: describe como un caso de uso es comprendido dentro del modelo de diseño en términos de colaboración de objetos.
- ❖ Subsistema del diseño: describe una parte del sistema que encapsula comportamiento, expone un conjunto de interfaces y empaqueta otros elementos de modelo.
- ❖ Paquete del diseño: es una recopilación de clases, relaciones, ejecuciones de guión de uso, diagramas y otros paquetes. Se utiliza para estructurar el modelo de diseño dividiéndolo en componentes más pequeños.

El rol **Implementador** es responsable de desarrollar y de probar componentes de acuerdo con los estándares adoptados del proyecto para la integración en subsistemas más grandes. Cuando los componentes de prueba, tales como drivers o partes se deben crear para apoyar la prueba, el implementador es también responsable de desarrollar y de probar los componentes de prueba y los subsistemas correspondientes.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

Artefactos que serán concebidos por este rol:

- ❖ Subsistema de implementación: consta de un conjunto de elementos de implementación. Estructura el modelo de implementación dividiéndolo en componentes más pequeños que se pueden integrar y probar separadamente.
- ❖ Elementos de implementación: son los componentes físicos que forman una implementación, que incluyen archivos y directorios. Incluyen los archivos de código de software (origen, binario o ejecutable), los archivos de datos y los archivos de documentación, como los archivos de ayuda en línea.

## **1.6 HERRAMIENTAS PARA EL MODELADO**

Las **Herramientas CASE** (**C**omputer **A**ided **S**oftware **E**ngineering, Ingeniería de Software Asistida por Computadoras) son diversas aplicaciones informáticas destinadas a aumentar la productividad en el desarrollo de software.

Se puede definir a las Herramientas CASE como un conjunto de programas y ayudas que dan asistencia a los analistas, ingenieros de software y desarrolladores, durante todos los pasos del ciclo de vida de desarrollo de un software. Como es sabido, los estados en el ciclo de vida de desarrollo de un software son: Investigación Preliminar, Análisis, Diseño, Implementación e Instalación.

Existen diversas herramientas CASE tales como: ArgoUML, Rational Rose, Visual Paradigm, Easy CASE, Xcase, CASE Studio 2, CASEwise entre otras, pero las más conocidas son el Rational Rose y el Visual Paradigm.

### **1.6.1 Rational Rose**

Rational Rose es la herramienta CASE desarrollada por los creadores de UML (Booch, Rumbaugh y Jacobson), que cubre todo el ciclo de vida de un proyecto: concepción y formalización del modelo, construcción de los componentes, transición a los usuarios y certificación de las distintas fases y entregables.

Dentro de sus características fundamentales se tiene que:

- ❖ Mantiene la consistencia de los modelos del sistema de software.
- ❖ Chequeo de la sintaxis UML.
- ❖ Generación de documentación automáticamente.
- ❖ Generación de código a partir de los modelos.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Ingeniería inversa (crear modelos a partir de código).

Rational Rose permite completar los siguientes flujos fundamentales del Proceso Unificado (RUP):

- ❖ Modelado del negocio (completo).
- ❖ Captura de requisitos (parcial).
- ❖ Análisis y diseño (completo).
- ❖ Implementación (como ayuda).
- ❖ Control de cambios y gestión de configuración (parcial).

## **1.6.2 Visual Paradigm**

Visual Paradigm es una potente herramienta CASE que utiliza como lenguaje de modelado el UML. La herramienta fue desarrollada para una amplia gama de usuarios incluyendo ingenieros de software, analista de sistemas, analistas del negocio y arquitectos de sistemas. Proporciona a los desarrolladores una plataforma con interfaz amigable que les permite diseñar un producto con calidad de forma rápida.

Facilita la interoperabilidad con otras herramientas CASE y se integra con las siguientes herramientas Java: Eclipse/IBM, WebSphere, JBuilder, NetBeans IDE, Oracle JDeveloper, BEA Weblogic. Está disponible en varias ediciones: Enterprise, Professional, Community, Standard, Modeler y Personal.

Genera la documentación del proyecto automáticamente en varios formatos como Web o .pdf, y permite control de versiones. Ofrece modelo y código que permanece sincronizado en todo el ciclo de desarrollo, disponibilidad de múltiples versiones y plataformas.

Teniendo en cuenta las características antes mencionadas sobre Visual Paradigm, especialmente su excelente integración con los IDEs para el desarrollo de java y la ventaja que presenta una interfaz de usuario de fácil uso y que permite realizar los diagramas y artefactos que se generan durante el desarrollo del software, además de realizar un control de las versiones durante todo el ciclo de trabajo, el colectivo de autores decide utilizarla como herramienta de modelado.

## **1.7 HERRAMIENTAS DE DESARROLLO**

Las herramientas de desarrollo son un conjunto de programas usados por los desarrolladores para escribir aplicaciones. La selección de las herramientas de desarrollo en la presente investigación se concentra en aquellas que sean multiplataforma y sean distribuidas bajo licencias de tipo GNU/GPL.



# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

## 1.7.1 Lenguajes de programación

Durante las últimas dos décadas, C y C++ han sido los lenguajes más utilizados para desarrollar software. Estos lenguajes ofrecen una gran flexibilidad pero, en cambio, la productividad no es muy alta ya que requieren mucho tiempo de desarrollo. Si bien un aspecto importante a tener en cuenta es el tiempo de desarrollo, otro aspecto mucho más importante es la portabilidad, es decir, usar la misma aplicación en distintas arquitecturas o sistemas operativos sin tener que recompilar. Java y C Sharp (C#) son lenguajes de programación que cumplen con las características antes mencionadas. Cuando se refiere a tiempo de desarrollo se puede decir que C# es superior a Java, pero en cuanto a la portabilidad, ¿qué sucede? Existen algunos proyectos como Mono y Portable.NET para hacer de C# un lenguaje portable. En la actualidad aunque se han notado avances, dichos proyectos todavía están en desarrollo.

En cuanto a Java, utiliza el concepto de máquina virtual (VM). El código que se genera no es específico a una plataforma en particular. Un programa nativo: la JDK (Java Virtual Machine) se encarga de traducir este código para que cualquier ordenador pueda ejecutarlo. De esta manera un código generado en Java puede correr en cualquier plataforma, en donde se haya portado la JDK.

## 1.7.2 ¿Por qué Java?

Finalmente se utilizará Java como lenguaje de programación para desarrollar la herramienta por ser un lenguaje cuya portabilidad está verdaderamente probada y no requiere largos períodos de tiempo para el desarrollo de las aplicaciones. Otras características de dicho lenguaje son:

- ❖ Orientado a Objetos: Java trabaja con sus datos como objetos y con interfaces a esos objetos, soporta las características propias del paradigma orientado a objetos: abstracción, encapsulamiento, herencia y polimorfismo.
- ❖ Simple: Posee una curva de aprendizaje muy rápida. Ofrece toda la funcionalidad de un lenguaje potente, pero sin las características menos usadas y más confusas de éstos.
- ❖ Robusto: Java realiza verificaciones en busca de problemas tanto en tiempo de compilación como en tiempo de ejecución. La comprobación de tipos en Java ayuda a detectar errores lo antes posible en el ciclo de desarrollo. Java obliga a la declaración explícita de los tipos de los ítems de información, reduciendo así las posibilidades de error. Maneja la memoria para eliminar las preocupaciones por parte del programador de la liberación o corrupción de la misma.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

Java se distingue de otros lenguajes, en que es una plataforma completa de desarrollo, consta de un gran conjunto de componentes que se pueden reutilizar y mecanismos para extenderlos, facilitando el trabajo a los desarrolladores. Aunque al mismo tiempo obliga a tener buenas prácticas, buenos patrones de diseño a diversos problemas recurrentes de desarrollo. La plataforma Java se ha establecido en la industria como una de las principales herramientas de construcción de aplicaciones en las corporaciones, otorgándoles diversos beneficios, así como de un universo de aplicaciones, frameworks y estándares generados alrededor de la plataforma, que la complementan y extienden. Java es Open Source (Software libre o Código abierto). La infraestructura para desarrollar en JAVA es gratuita, tiene la licencia GPL v2 que cuenta con el apoyo de Free Software Foundation (FSF). Por otra parte ofrece mucha documentación de ayuda (herramientas, debuggers, editores), apoyado con un gran número de librerías que son soportadas por diversas empresas como IBM, Oracle, Jakarta, además de encontrarse otra gran cantidad desarrolladas por terceros. Esto simplifica el desarrollo y la implementación, permitiendo que las aplicaciones en Java sean cada vez más rápidas, fiables y sencillas de escribir.

### **1.7.3 Sistema de Control de Versiones**

Un sistema de control de versiones es un software que administra el acceso a un conjunto de ficheros y mantiene un historial de cambios realizados. El control de versiones es útil para guardar cualquier documento que cambie con frecuencia, como una novela, o el código fuente de un programa. **(COLLINS-SUSSMAN 2008)**

Normalmente consiste en una copia maestra en un repositorio central, y un programa cliente con el que cada usuario sincroniza su copia local. Esto permite compartir los cambios sobre un mismo conjunto de ficheros. Además, el repositorio guarda registro de los cambios realizados por cada usuario, y permite volver a un estado anterior en caso de necesidad.

¿Por qué son necesarios? Supongan que se encuentran desarrollando un programa de cierto tamaño en colaboración con otra persona. Lo más primitivo es compartir cambios usando ficheros comprimidos. Pero este sistema es propenso a errores: ¿están enviando todo el código?, ¿están sobrescribiendo algún cambio?, ¿qué ficheros deben actualizar?, ¿quién tiene la versión maestra del código?

Todos los sistemas de control de versiones tienen ciertas características que acaban con estas preocupaciones. Esto es lo que aporta un sistema de control de versiones a un equipo: actualización

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

de ficheros modificados, copias de seguridad centralizadas, historial de cambios, acceso remoto, seguridad.

Para el desarrollo de esta herramienta se utilizará el sistema de control de versiones Subversión (SVN).

## ¿Por qué SVN?

En muchos proyectos comerciales, y prácticamente en todos los de código abierto se utiliza el control de versiones Concurrent Versions System (CVS), el cual presenta algunos problemas que son solucionados con SVN, los problemas son los citados a continuación:

- ❖ No registra cambios en la estructura de directorios: no es posible mover, renombrar, ni copiar. Estas operaciones se consiguen eliminando y añadiendo, pero con esto se pierde el historial de cambios.
- ❖ Es necesario interrumpir el acceso al repositorio para crear copias de seguridad.
- ❖ No permite "conjuntos de cambios". Cuando un desarrollador sube un conjunto de cambios, se van subiendo uno a uno, quizás al mismo tiempo que otro desarrollador hace lo mismo. Al no ser una operación atómica, nadie puede asegurar que el estado del repositorio tras su commit, sea el mismo que el estado que probó en local, y por tanto, el proyecto puede estar en un estado que nadie ha probado. Además, deshacer un conjunto de cambios requiere recorrer el repositorio entero comparando las fechas.
- ❖ Almacena ficheros binarios enteros (no sus diferencias entre versiones). Esto consume espacio en disco y ancho de banda.
- ❖ No usa la red eficientemente. Las diferencias entre versiones solo se envían desde el servidor al cliente, cuando el cliente sube sus cambios envía ficheros enteros.
- ❖ El código fuente es difícil de mantener. CVS comenzó como un conjunto de shellscripts que usaban RCS e implementaban algoritmos desarrollados entre los años 60-80. El resultado actual es producto de sucesiones de parches, y no tiene un diseño fácil de entender o mejorar. Esto dificulta su evolución. La idea de crear un nuevo CVS desde cero, surgió en la propia compañía que ofrecía soporte comercial para el CVS.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

## **1.7.4 Entorno de desarrollo**

Dentro de los entornos de desarrollo integrado (IDE del inglés Integrated Development Environment) para el desarrollo de aplicaciones usando como lenguaje de programación Java se pueden encontrar NetBeans, JBuilder y Eclipse.

El **NetBeans** es una herramienta para programadores pensada para escribir, compilar, depurar y ejecutar programas. Está escrito en Java pero puede servir para cualquier otro lenguaje de programación. Existe además un número importante de módulos para extender el IDE NetBeans, es un producto libre y gratuito sin restricciones de uso. La versión actual todavía no permite la integración del entorno de desarrollo con un control de versiones Subversion, por esa razón no fue seleccionado este IDE para el desarrollo de la herramienta.

**JBuilder** es un entorno de desarrollo integrado para el lenguaje de programación Java desarrollado por Borland. Posee varias ediciones, la Enterprise, para aplicaciones J2EE, Web Services y struts. La Developer, para el desarrollo completo de aplicaciones Java, y la Foundation, con capacidades básicas para iniciarse en Java. No fue seleccionado para el desarrollo de la herramienta JBuilder por no ser multiplataforma, solo puede ser ejecutado sobre el sistema operativo Windows.

El **Eclipse** es un IDE para todo tipo de aplicaciones, inicialmente desarrollado por IBM, y actualmente gestionado por la Fundación Eclipse. La característica clave de Eclipse es la extensibilidad. Eclipse es una gran estructura formada por un núcleo y muchos plugins que van conformando la funcionalidad final. La forma en que los plugins interactúan es mediante interfaces o puntos de extensión; así, los nuevos aportes se integran sin dificultad ni conflictos.

Se seleccionó este último IDE en su versión 3.2 para el desarrollo de la herramienta principalmente porque permite el desarrollo de aplicaciones utilizando Subversion como sistema de control de versiones y por el potente editor de código que presenta. Entre otras características de dicho IDE se encuentran que es multiplataforma, soporte para distintas arquitecturas, resaltado de sintaxis, auto completado, tabulador de un bloque de código seleccionado, asistentes (wizards): para la creación, exportación e importación de proyectos y para generar plantillas de códigos (templates).

## **1.8 PATRONES DE CASOS DE USO, DISEÑO Y ARQUITECTURA.**

### **1.8.1 Patrones de casos de uso.**

Los patrones de casos de uso permiten con más precisión reflejar los requisitos reales, haciendo más fácil el trabajo con los sistemas, y mucho más simple su mantenimiento. Dado un contexto y un

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

problema a resolver, estas técnicas han mostrado ser la solución adoptada en la comunidad del desarrollo de software. Se presentan a modo de herramientas que permiten resolver los problemas que se les planteen a los desarrolladores de una forma ágil y sistemática. Estos patrones se enfocan hacia el diseño y las técnicas utilizadas en modelos de alta calidad, y no en cómo modelar usos específicos.

## Concordancia: Adición

En el caso de este patrón alternativo, la subsecuencia común de casos de uso, extiende los casos de uso compartiendo la subsecuencia de acciones. Los otros casos de uso modelan el flujo que será expandido con la subsecuencia. Este patrón es preferible usarlo cuando otros casos de uso se encuentran propiamente completos, o sea, que no requieren de una subsecuencia común de acciones para modelar los usos completos del sistema.

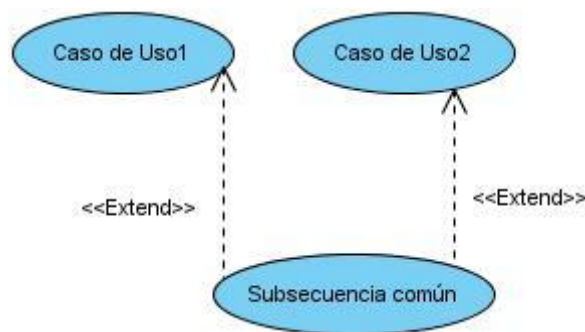
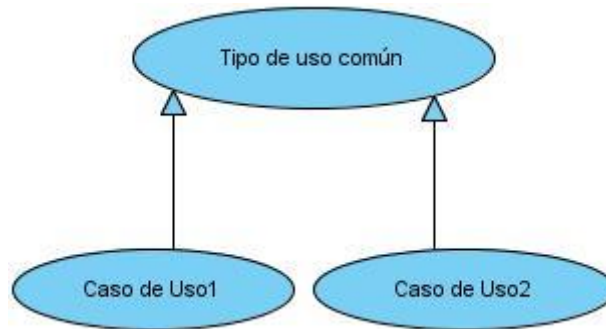


Ilustración 4. Ejemplo de patrón de concordancia: Adición.

## Concordancia: Especialización.

Patrón de concordancia que contiene casos de uso del mismo tipo. En este caso, estos son modelados como una especialización de casos de uso de tipo de uso común. Todas las acciones en estos casos de uso son heredadas por los casos de uso hijos, donde otras acciones serán adicionadas o acciones heredadas que serán especializadas. Este patrón es aplicable cuando la utilización de los casos de uso que han sido modelados son del mismo tipo, y este tipo debe hacerse visible en el modelo.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica



**Ilustración 5. Ejemplo de patrón de concordancia: Especialización.**

## **1.8.2 Patrones de diseño**

Un patrón de diseño es: **(VILAS 2001)**

- una solución estándar para un problema común de programación.
- una técnica para flexibilizar el código haciéndolo satisfacer ciertos criterios.
- un proyecto o estructura de implementación que logra una finalidad determinada.
- un lenguaje de programación de alto nivel.
- una manera más práctica de describir ciertos aspectos de la organización de un programa.
- conexiones entre componentes de programas.
- la forma de un diagrama de objeto o de un modelo de objeto.

Los patrones de diseño pueden incrementar o disminuir la capacidad de comprensión de un diseño o de una implementación, disminuirla al añadir accesos indirectos o aumentar la cantidad de código, disminuirla al regular la modularidad, separar mejor los conceptos y simplificar la descripción. **(VILAS 2001)** A continuación se describen dentro de las clasificaciones de los patrones de diseño que existen, cuáles patrones se utilizarán en esta investigación.

### **Patrones de asignación de responsabilidades**

#### **Patrones GRASP**

Los patrones GRASP son parejas de problema solución con un nombre, que codifican buenos principios y sugerencias relacionados frecuentemente con la asignación de responsabilidades. Describen los principios fundamentales de la asignación de responsabilidades a objetos, expresados en forma de patrones. **(VISCANTI)**

Durante el diseño se aplicarán estos patrones porque los mismos propician la modularidad y consistencia del sistema así como la mayor independencia entre clases. Se describen a continuación los que serán utilizados en esta investigación:

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

**Patrón creador (Creator, GRASP de Craig Larman):** Guía la asignación de responsabilidades relacionadas con la creación de objetos, tarea muy frecuente en los sistemas orientados a objetos. El propósito fundamental de este patrón es encontrar un creador que debemos conectar con el objeto producido en cualquier evento. Al escogerlo como creador, se da soporte al bajo acoplamiento. Lo que define este patrón es que una instancia de un objeto la tiene que crear el objeto que tiene la información para ello. ¿Qué significa esto?, pues que si un objeto A utiliza específicamente otro B, o si B forma parte de A, o si A almacena o contiene B, o si simplemente A tiene la información necesaria para crear B, entonces A es el perfecto creador de B. **(VISCONTI)**

**Patrón Alta Cohesión:** Mantiene la complejidad dentro de límites manejables, es decir asigna una responsabilidad de modo que la cohesión siga siendo alta. La cohesión es una medida de cuán relacionadas y enfocadas están las responsabilidades de una clase. Una alta cohesión caracteriza a las clases con responsabilidades estrechamente relacionadas que no realicen un trabajo enorme. **(VISCONTI)**

Beneficios:

1. Mejoran la claridad y facilidad con que se entiende el diseño.
2. Se simplifica el mantenimiento y las mejoras de funcionalidad.
3. A menudo se genera un bajo acoplamiento.
4. Soporta mayor capacidad de reutilización.

**Bajo Acoplamiento:** Es la idea de tener las clases lo menos ligadas entre sí que se pueda. De tal forma que en caso de producirse una modificación en alguna de ellas, se tenga la mínima repercusión posible en el resto de clases, potenciando la reutilización, y disminuyendo la dependencia entre las clases. El acoplamiento es una medida de la fuerza con que una clase está conectada a otras clases, con que las conoce y con que recurre a ellas. Acoplamiento bajo significa que una clase no depende de muchas clases. **(VISCONTI)**

Beneficios:

1. No se afectan por cambios de otros componentes.
2. Fáciles de entender por separado.
3. Fáciles de reutilizar.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

**Patrón Controlador:** Es un patrón que sirve como intermediario entre una determinada interfaz y el algoritmo que la implementa, de tal forma que es la que recibe los datos del usuario y la que los envía a las distintas clases según el método llamado. Asigna las responsabilidades de capturar los eventos del sistema a las clases. **(VISCONTI)**

De acuerdo con el patrón Controlador, disponemos de las siguientes opciones:

1. El "sistema" global (controlador de fachada).
2. La empresa u organización global (controlador de fachada).
3. Algo en el mundo real que es activo (por ejemplo, el papel de una persona) y que pueda participar en la tarea (controlador de tareas).
4. Un manejador artificial de todos los eventos del sistema de un caso de uso, generalmente denominados "Manejador< NombreCasodeUso >" (controlador de casos de uso).
5. En la decisión de cuál de las cuatro clases es el controlador más apropiado influyen también otros factores como la cohesión y el acoplamiento.

Beneficios:

1. Mayor potencial de los componentes reutilizables. Garantiza que la empresa o los procesos de dominio sean manejados por la capa de los objetos del dominio y no por la de la interfaz.
2. Reflexionar sobre el estado del caso de uso. A veces es necesario asegurarse de que las operaciones del sistema sigan una secuencia legal o poder razonar sobre el estado actual de la actividad y las operaciones en el caso de uso subyacente.

## **Patrones de diseño GoF (Gans of Tour (Grupo de los Cuatro))**

Los patrones GoF constituyen patrones de diseño surgidos en 1995 por la banda de los cuatro, Erich Gamma, Richard Helm, Ralph Jonson y John Vissidess, promueven una expansión de la programación orientada a objetos y se pueden clasificar según su propósito en patrones de creación (para creación de instancias), estructurales (relaciones entre clases, combinación y formación de estructuras mayores) y de comportamiento (interacción y cooperación entre clases). **(LAGOS TORRES)**

Los principales patrones a utilizar son:

**Patrones de comportamiento:** Los patrones de comportamiento se utilizan para organizar, manejar y combinar comportamientos. Estudian las relaciones entre llamadas entre los diferentes objetos, normalmente ligados con la dimensión temporal.

- ❖ **Patrón Instancia Única:** Garantiza que una clase sólo tenga una instancia, y proporciona un punto de acceso global a ella.



# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

## **Patrones estructurales. Descripción.**

- ❖ **Patrón Fachada:** Proporciona una interfaz unificada para un conjunto de interfaces de un subsistema. Define una interfaz de alto nivel que hace que el subsistema sea más fácil de usar.

### **1.8.3 Patrones de arquitectura**

Los patrones arquitectónicos se definen como una descripción de un problema particular y recurrente de diseño, que aparece en contextos de diseño específico, y presenta un esquema genérico demostrado con éxito para su solución. Los patrones arquitectónicos expresan el esquema de organización estructural fundamental para sistemas de software. Provee un conjunto de subsistemas predefinidos, especifica sus responsabilidades e incluye reglas y pautas para la organización de las relaciones entre ellos. Cada patrón de arquitectura ayuda a conseguir una propiedad específica en el sistema global, por ejemplo, la adaptabilidad de la interfaz de usuario.

Dentro de los diversos patrones de arquitectura existentes, cabe destacar los más significativos, el patrón Modelo Vista Controlador (MVC) y el patrón de arquitectura en capas.

### **Patrón Modelo Vista Controlador (MVC)**

Se utiliza principalmente cuando es necesario modularizar la interfaz de usuario, las reglas de negocio y el control de eventos. Fue diseñado para reducir el esfuerzo de programación necesario en la implementación de sistemas múltiples y sincronizados de los mismos datos. Sus características principales son que el Modelo, las Vistas y los Controladores se tratan como entidades separadas que tendrán funcionalidades propias como se podrá ver a continuación.

Ventajas:

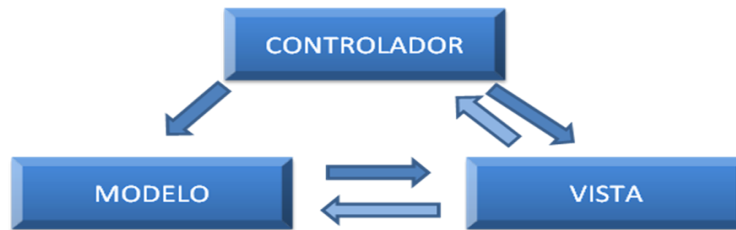
- ❖ Se pueden mostrar distintas variantes de interfaz gráfica simultáneamente.
- ❖ La interfaz tiende a cambiar más rápido que las reglas del negocio. Agregar nuevos tipos de vista no afecta el modelo.
- ❖ Evita poner el código indebido en la capa impropia. Facilita despliegue en caso de modificaciones en el modelo de datos.

Desventajas:

- ❖ Puede aumentar un poco la complejidad de la solución. Como está guiado por eventos puede ser algo más difícil de depurar.

# Capítulo 1: Fundamentación Teórica

- ❖ Si hay demasiados cambios en el modelo la vista puede provocar un constante refrescamiento de las vistas, a menos que se prevea programáticamente.



**Ilustración 6. Patrón Modelo Vista Controlador**

## **Patrón de arquitectura en capas**

Resulta útil cuando se pueden identificar distintas clases de servicios que pueden ser articulados jerárquicamente. Los componentes de cada capa consisten en conjuntos de clases. Las interacciones entre las capas ocurren generalmente por invocación de métodos, por definición los niveles de abajo no deben poder utilizar funcionalidad ofrecida por los de niveles superiores.

- ❖ Capa de presentación, contiene todas las interfaces (formularios, páginas HTML, etc.) y sus controles visuales (textBox, comboBox, dataGrids) junto con sus eventos.
- ❖ Capa de negocio (lógica del dominio), aquí se define todo el código que especifican las reglas de negocio (cálculos, validaciones). Surge de los procesos que se ha encontrado en el análisis.
- ❖ Capa de acceso a datos, contiene el código que permite acceder a las fuentes de datos. Esencialmente trata sobre cuatro operaciones básicas, llamadas CRUD (por Create-Retrieve-Update y Delete), que se realizan sobre cualquier fuente de datos (normalmente alguna base de datos relacional).

## **1.9 CONCLUSIONES DEL CAPÍTULO**

En este capítulo se han descrito las herramientas y lenguaje a utilizar así como la metodología de desarrollo de software para llevar a cabo la aplicación. Además se describieron los patrones de diseño de manera general y el patrón de arquitectura como estructura fundamental del software.

# Capítulo 2: Características del sistema

## **CAPÍTULO 2: CARACTERÍSTICAS DEL SISTEMA**

Este capítulo está encaminado a definir los requisitos funcionales y no funcionales que tendrá la aplicación, se identifican los casos de uso, los actores del sistema a desarrollar y se brinda una breve descripción de estos casos de usos. Se describen los procesos que son objeto de automatización. Todo lo anteriormente expuesto es en respuesta al problema presentado por los genetistas a la hora de realizar análisis de estudios epidemiológicos.

### **2.1 OBJETO DE ESTUDIO**

#### **2.1.1 Objetivos estratégicos de la organización**

La Red Nacional de Genética está integrada por 184 centros ubicados en todos los municipios y provincias del país, coordinados por el Centro Nacional de Genética Médica. Las investigaciones las realizan los especialistas ubicados en la Atención Primaria en los Policlínicos y Centros Municipales de Genética, también los especialistas de la Atención Secundaria en los Centros Provinciales de Genética las llevan a cabo y los especialistas ubicados en el Centro Nacional de Genética Médica. El objetivo fundamental es desarrollar proyectos de investigación e innovación, evaluar e introducir nuevas tecnologías para el diagnóstico, tratamiento y asesoramiento en relación con las enfermedades genéticas, todo esto encaminado a mejorar la calidad de vida de la población. **(CNGM, 2009)**

#### **2.1.2 Flujo actual de los procesos**

En el CNGM el consejo científico es quien aprueba el inicio de una investigación epidemiológica basándose en que el instrumento de recolección de datos para la realización del estudio está previamente elaborado con las variables para la obtención de la información, posteriormente el genetista inicia la investigación acudiendo a cada uno de los pacientes aprobados para que formen parte de la misma llenando con sus datos el instrumento. Se realizan estudios epidemiológicos sobre los datos recogidos y se obtienen los resultados que son informados al consejo científico por el genetista.

#### **2.1.3 Análisis crítico de la ejecución de los procesos.**

Los genetistas encargados de realizar estudios sobre Epidemiología Genética están presentando una serie de limitaciones en cuanto a la realización de los mismos, pues si desean realizar diferentes cálculos estadísticos o gráficos sobre ellos deben hacerlo utilizando varios software que no les brindan

## Capítulo 2: Características del sistema

todas las funcionalidades requeridas, teniendo en ocasiones que recurrir a cálculos manuales. Esto conlleva a que la solución que se obtiene pueda no ser exacta y que para estudios posteriores no se cuente con los casos ya analizados por pérdida de información.

### 2.2 OBJETO DE AUTOMATIZACION

La aplicación informática permitirá la realización de estudios epidemiológicos realizando diferentes análisis estadísticos, dando la opción de escoger el tipo de estudio que se desea realizar, insertando los datos necesarios para ello y obteniendo resultados de los cálculos aplicados al mismo, así como, se podrán graficar los valores obtenidos en las tablas de contingencia correspondientes a cada estudio específico. Se podrá salvar un reporte del estudio realizado además de poder imprimir su resultado.

### 2.3 MODELO DE NEGOCIO

#### 2.3.1 Actores del negocio.

Actor	Descripción
Consejo Científico	Indica inicio de la investigación y recibe resultados de la misma.

Tabla 1. Actores del negocio

#### 2.3.2 Trabajadores del negocio.

Trabajador	Descripción
Genetista	Especialista en Genética encargado de realizar estudios de epidemiología.

Tabla 2. Trabajadores del negocio

#### 2.3.3 Diagrama de casos de uso del negocio

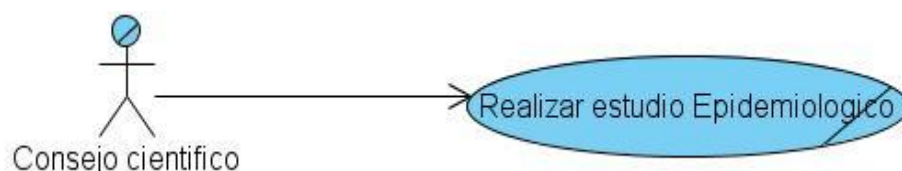


Ilustración 7. Diagrama de Casos de Uso del Negocio.

## Capítulo 2: Características del sistema

### 2.3.4 Descripción textual del Caso de Uso del Negocio.

<b>Caso de uso del negocio:</b>	<b>Realizar Estudio Epidemiológico</b>
<b>Actores:</b>	Consejo Científico(Inicia)
<b>Trabajadores:</b>	Genetista
<b>Resumen:</b>	El caso de uso se inicia cuando el Consejo Científico indica el inicio de la investigación. El Genetista realiza los estudios correspondientes, comunica los resultados al Consejo Científico terminando así el caso de uso.
<b>Precondiciones:</b>	Se debe haber elaborado el instrumento de recolección de datos.
<b>Flujo Normal de Eventos</b>	
<b>Acción del actor</b>	<b>Respuesta del Negocio</b>
1- El Consejo Científico indica inicio de la investigación.	2- El genetista aplica instrumento de recolección de datos.
	3- El genetista realiza los estudios epidemiológicos.
	4-El genetista obtiene los resultados del estudio.
	5-El genetista comunica al Consejo Científico los resultados.
6-El Consejo Científico recibe resultados sobre el estudio epidemiológico.	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio epidemiológico.

**Tabla 3.Descripción textual del Caso de Uso del Negocio**

## Capítulo 2: Características del sistema

### 2.3.5 Modelo de Objetos del Negocio.

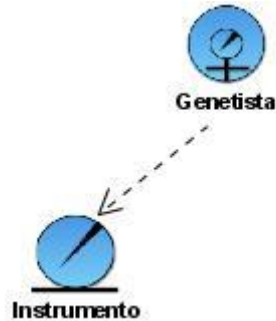


Ilustración 8. Modelo de Objetos del Negocio.

### 2.3.6 Diagrama de Actividades

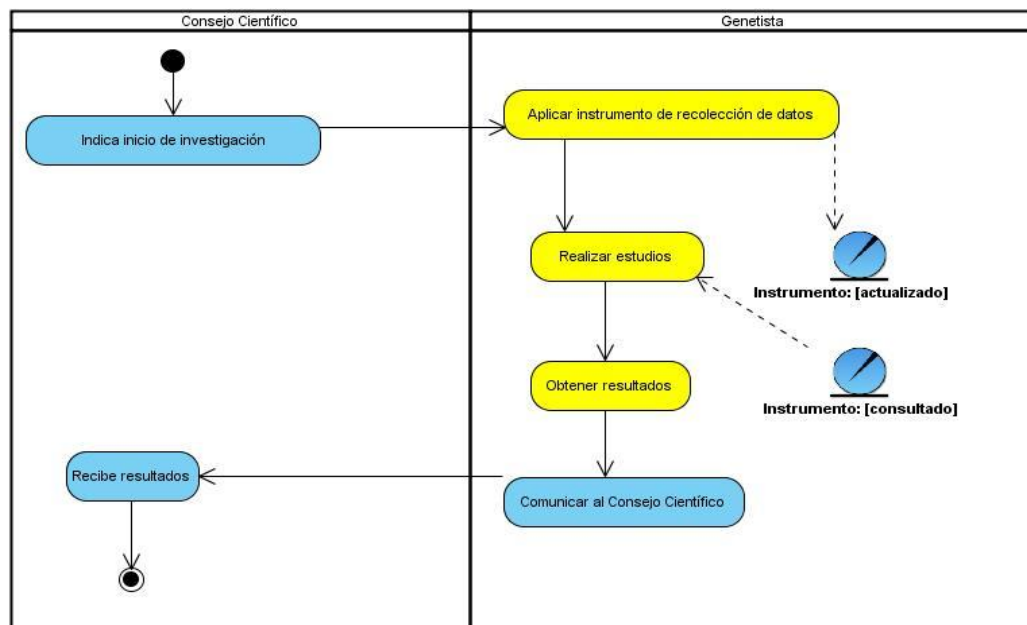


Ilustración 9. Diagrama de Actividades

### 2.3.7 Reglas del Negocio

- 1- Solo el consejo científico puede indicar el inicio de una investigación.
- 2- El instrumento es una planilla que recoge los datos necesarios para realizar un estudio epidemiológico.

## Capítulo 2: Características del sistema

- 3- La probabilidad nunca debe ser cero, se debe especificar el último valor en caso de que sea muy pequeña, esto es para el caso de las décimas de Chi Cuadrado.
- 4- Se deben realizar dos tablas de contingencia, una para la frecuencia esperada y otra para la observada. Se deben de cumplir supuestos, el primero es que las frecuencias esperadas es igual a uno y que no menos del veinte por ciento de las frecuencias esperadas es igual a cero.
- 5- Cuando exista una frecuencia menor de cinco, el Chi Cuadrado de Pearson y Mantel Haenzel no tienen valor, el que se debe calcular es Fisher.
- 6- La Corrección de Yate se realiza cuando la probabilidad del Pearson o Mantel Haenzel se observa en el límite del nivel de significación que se tomó para el estudio.
- 7- Para la realización del cálculo del estadígrafo de magnitud de asociación de riesgo atribuible, se debe realizar primero el cálculo de la tasa de prevalencia en expuestos y el cálculo de la tasa de prevalencia en no expuestos.
- 8- Para la realización del cálculo del estadígrafo de impacto potencial de riesgo atribuible de expuestos porcentual, se debe realizar primero el cálculo de la tasa de prevalencia en expuestos y el cálculo de la tasa de prevalencia en no expuestos.
- 9- Para la realización del cálculo del estadígrafo de magnitud de asociación de riesgo atribuible poblacional porcentual, se debe realizar primero el cálculo de la tasa de prevalencia en no expuestos y el cálculo de la tasa de prevalencia global.
- 10- Para la realización del cálculo del estadígrafo de magnitud de asociación de riesgo atribuible poblacional, se debe realizar primero el cálculo de la tasa de prevalencia en no expuestos y el cálculo de la tasa de prevalencia global.
- 11- La cantidad de variables cuando se desea realizar un estudio de Epidemiología Tradicional no debe ser mayor que 30.

# Capítulo 2: Características del sistema

## **2.4 ESPECIFICACIÓN DE LOS REQUERIMIENTOS DE LA APLICACIÓN INFORMÁTICA**

### **2.4.1 Requerimientos Funcionales**

Los requerimientos funcionales son condiciones o capacidades que deben ser alcanzadas o poseídas por un sistema o componente de un sistema para satisfacer un contrato, estándar, u otro documento impuesto formalmente. Con ellos, se pretende determinar de manera clara y concisa lo que debe hacer el sistema siguiendo un enfoque funcional. **(TELEFORMACION 2008-2009)**

Los requerimientos funcionales agrupados por casos de uso son los siguientes:

#### **1. Crear estudio de Epidemiología Genética.**

1.1 Crear estudio de Epidemiología Genética.

#### **2. Crear estudio de Epidemiologia Tradicional.**

2.1 Crear estudio de Epidemiología Tradicional.

#### **3. Crear estudio de familiares.**

3.1 Insertar datos para estudio de familiares.

3.2 Obtener resultados de estudio de familiares.

3.3 Imprimir estudio.

#### **4. Graficar estudio.**

4.1 Graficar estudio.

#### **5. Crear estudio de total de familiares.**

5.1 Insertar datos para estudio de total de familiares.

5.2 Obtener resultados de estudio de total de familiares.

5.3 Imprimir estudio.

#### **6. Crear estudio de casos población.**



## Capítulo 2: Características del sistema

6.1 Insertar datos para estudio de casos población.

6.2 Obtener resultados de estudio de casos población.

6.3 Imprimir estudio.

### **7. Crear estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.**

7.1 Insertar datos para estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.

7.2 Obtener resultados de estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.

7.3 Imprimir estudio.

### **8. Crear estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.**

8.1 Insertar datos para estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.

8.2 Obtener resultados de estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.

8.3 Imprimir estudio.

### **9. Crear estudio clásicos en gemelos.**

9.1 Insertar datos para estudio clásicos en gemelos.

9.2 Obtener resultados de estudio clásicos en gemelos.

9.3 Imprimir estudio.

### **10. Crear estudio de asociación alélica.**

10.1 Insertar datos para estudio de asociación alélica.

10.2 Obtener resultados de estudio de asociación alélica.

10.3 Imprimir estudio.

### **11. Crear estudio general de Epidemiología Tradicional.**

## Capítulo 2: Características del sistema

- 11.1 Insertar datos para estudio general de Epidemiología tradicional.
- 11.2 Seleccionar método de estudio.
- 11.3 Obtener resultados del estudio general de Epidemiología Tradicional.
- 11.4 Imprimir estudio.

### **12. Guardar estudio.**

- 12.1 Guardar estudio.

### **2.4.2 Requerimientos no Funcionales.**

Los requerimientos no funcionales son propiedades o cualidades que el producto debe tener. Debe pensarse en estas propiedades como las características que hacen al producto atractivo, usable, rápido o confiable. Normalmente están vinculados a requerimientos funcionales, es decir una vez que se conozca lo que el sistema debe hacer se puede determinar cómo ha de comportarse, qué cualidades debe tener o cuán rápido o grande debe ser. Teniendo en cuenta que la aplicación es de escritorio se definieron los siguientes requisitos no funcionales:

#### **1. Apariencia o interfaz externa.**

La interfaz externa debe estar diseñada para verse en la resolución igual a 1024x760. El acceso a la aplicación será sencillo y amigable, el color predominante en la misma debe ser el azul.

#### **2. Usabilidad.**

La aplicación informática debe garantizar un acceso fácil y rápido, contando con un menú que satisfaga las necesidades de los usuarios. Este podrá ser usado sólo por genetistas que posean conocimientos avanzados en el dominio de la especialidad de la epidemiología en la genética, de la bioestadística y de la bioinformática.

#### **3. Rendimiento.**

Los tiempos de respuestas deben ser generalmente rápidos al igual que la velocidad de procesamiento de la información ya que es una aplicación de escritorio y no posee ningún tipo de intercambio de información a través de la red.

## Capítulo 2: Características del sistema

### 4. Soporte.

Se debe asegurar el soporte para los usuarios, de manera que se puedan satisfacer sus necesidades a partir de mejoras, una vez puesta en marcha la aplicación. Para ello se creará un manual de usuarios y una guía de instalación.

### 5. Software.

Se requiere para el funcionamiento de la aplicación disponer cualquier sistema operativo (Windows, Linux, Mac OS); Máquina Virtual de Java versión 1.3 o Superior.

### 6. Hardware.

Para el desarrollo y ejecución de la aplicación se necesitará:

Procesador de tipo Pentium III a 450 megahercios (MHz) o superior, 128 Megabytes (MB) de memoria RAM o más y 30 MB de capacidad en el disco duro.

### 7. Requisitos Legales.

Las herramientas y las tecnologías en que estará basada la aplicación informática deberán cumplir con las licencias de software libre.

## 2.5 DEFINICIÓN DE LOS CASOS DE USO DEL SISTEMA

### 2.5.1 Actores del Sistema.

Actor	Descripción
Genetista	Especialista en Genética que interactúa con el sistema, es el encargado de realizar los estudios y cálculos estadísticos sobre epidemiología.

Tabla 4. Justificación de los actores del sistema.

### 2.5.2 Paquetes del sistema.

Para la modelación de los casos de uso del sistema se decidió dividirlos en paquetes de acuerdo al siguiente criterio de empaquetamiento:

- ❖ Los CU requeridos para dar soporte a un determinado proceso de negocio.

Los paquetes Epidemiología Genética y Epidemiología Tradicional responden a este criterio. Los casos de uso Guardar estudio y Graficar estudio son extendidos de los casos de uso que se encuentran

## Capítulo 2: Características del sistema

dentro de estos paquetes. De manera que quedaron integrados a los 12 casos de uso del sistema los 22 requisitos funcionales identificados, teniendo en cuenta los patrones de caso de uso: Concordancia (Adición) y Concordancia (Especialización).

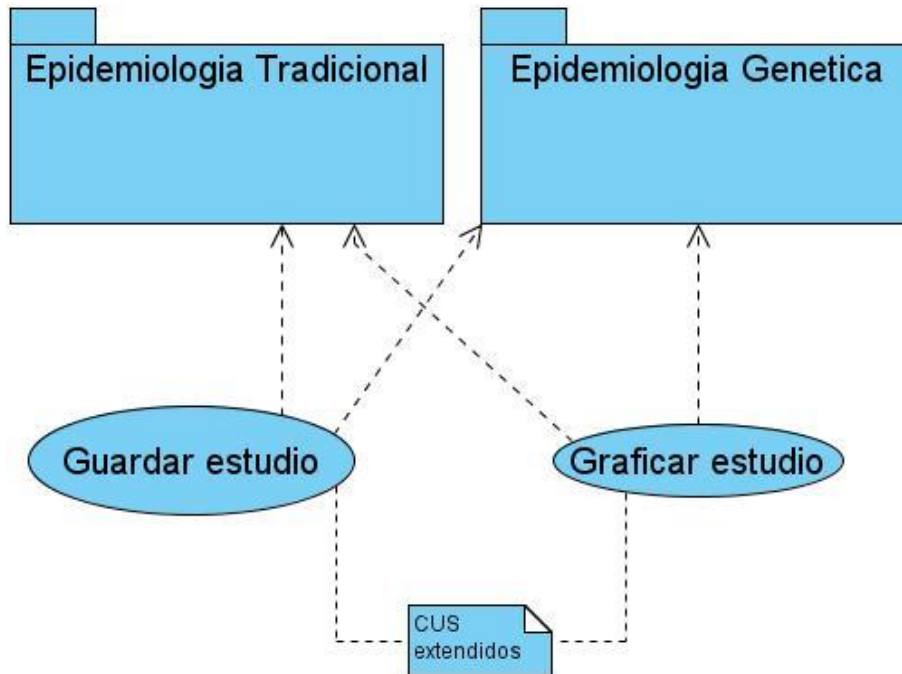


Ilustración 10. Diagrama de paquetes del sistema.

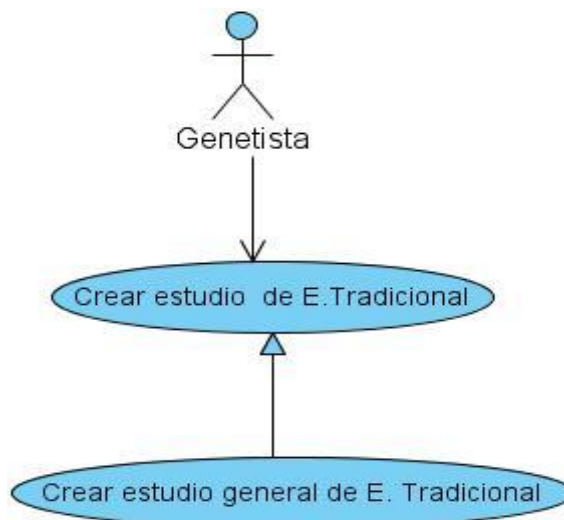
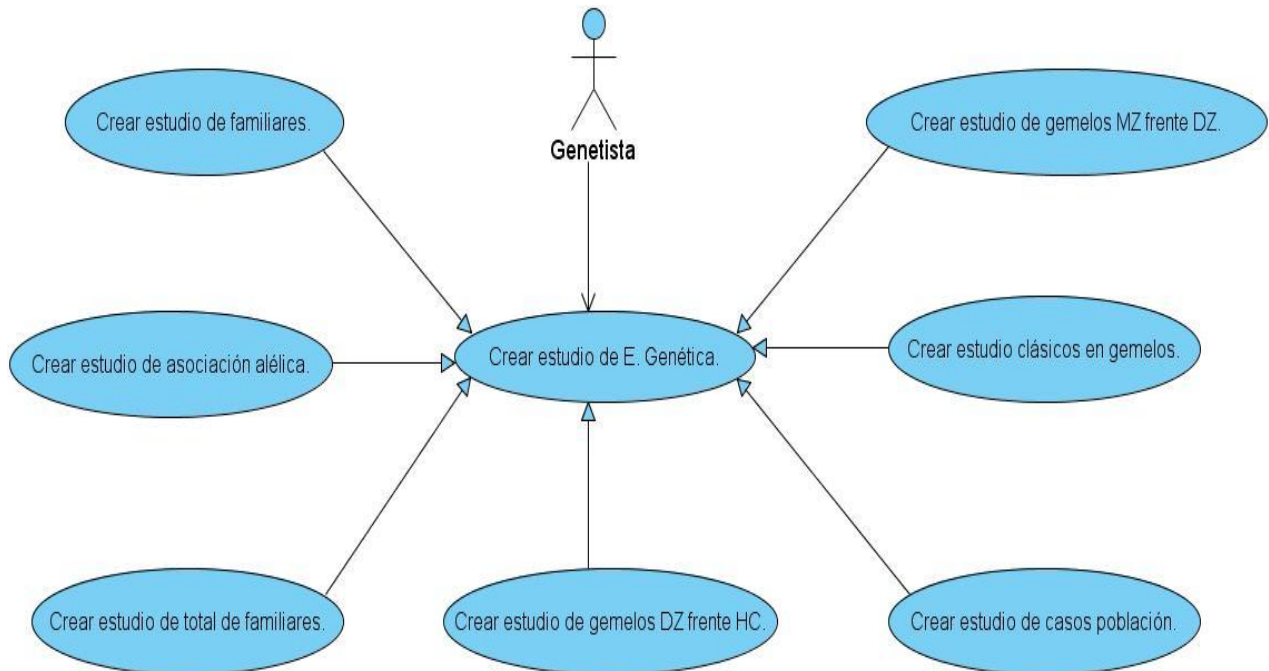


Ilustración 11. DCUS del paquete Epidemiología Tradicional.

## Capítulo 2: Características del sistema



**Ilustración 12.DCUS del paquete Epidemiología Genética.**

### 2.5.3 Breve Descripción de los Casos de Uso del Sistema

La descripción ampliada de los casos de uso del sistema aparece en los **Anexos**.

<b>CU-1</b>	<b>Crear estudio de Epidemiología Genética</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de Epidemiología Genética.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética. Introduce los datos correspondientes. El caso de uso finaliza cuando se selecciona algún estudio específico de Epidemiología Genética.
<b>Referencias</b>	RF 1.1
<b>Precondiciones</b>	-----

## Capítulo 2: Características del sistema

<b>Prioridad</b>	Crítico.
------------------	----------

**Tabla 5. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de Epidemiología Genética**

<b>CU-2</b>	<b>Crear estudio de Epidemiología Tradicional.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de Epidemiología Tradicional.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Tradicional. Introduce los datos correspondientes. El caso de uso finaliza cuando se selecciona algún estudio específico de Epidemiología Tradicional.
<b>Referencias</b>	RF 2.1
<b>Precondiciones</b>	-----
<b>Prioridad</b>	Crítico.

**Tabla 6. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de Epidemiología Tradicional.**

<b>CU-3</b>	<b>Crear estudio de familiares.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de familiares.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un estudio de Epidemiología Genética en el caso específico familiares. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 3.1, RF 3.2, RF 3.3, CUS 1
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico

## Capítulo 2: Características del sistema

**Tabla 7. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de familiares.**

<b>CU- 4</b>	<b>Graficar estudio.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea graficar un estudio.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea graficar un estudio de cualquier tipo. El caso de uso finaliza cuando se obtiene la gráfica del estudio seleccionado.
<b>Referencias</b>	RF 4.1, CUS 5, CUS 6, CUS 7, CUS 8, CUS 9, CUS 10, CUS 11, CUS 12.
<b>Precondiciones</b>	Solo se puede graficar a partir de la tabla de contingencia del estudio seleccionado.
<b>Prioridad</b>	Secundario.

**Tabla 8. Breve descripción del caso de uso del sistema: Graficar estudio.**

<b>CU- 5</b>	<b>Crear estudio de total de familiares.</b>
<b>Actores</b>	Genetista.
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de total de familiares.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico total de familiares. Inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 5.1, RF 5.2, RF 5.3, CUS 1
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico.

**Tabla 9. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de total de familiares.**

## Capítulo 2: Características del sistema

<b>CU-6</b>	<b>Crear estudio de casos población.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de casos población.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico casos población. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 6.1, RF 6.2, RF 6.3, CUS 1
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de casos población se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico.

**Tabla 10. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de casos población.**

<b>CU-7</b>	<b>Crear estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico gemelos monocigóticos frente a dicigóticos. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 7.1, RF 7.2, RF 7.3, CUS 1.
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad:</b>	<b>Crítico</b>



## Capítulo 2: Características del sistema

**Tabla 11. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.**

<b>CU-8</b>	<b>Crear estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico gemelos dicigóticos frente a hermano carnal. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 8.1, RF 8.2, RF 8.3, CUS 1
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico.

**Tabla 12. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.**

<b>CU-9</b>	<b>Crear estudio clásicos en gemelos</b>
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico clásicos en gemelos. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 9.1, RF 9.2, RF 9.3, CUS 1

## Capítulo 2: Características del sistema

<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico.

Tabla 13. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio clásicos en gemelos.

<b>CU-10</b>	<b>Crear estudio de asociación alélica.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de asociación alélica.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico asociación alélica. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 10.1, RF 10.2, RF 10.3, CUS 1.
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico

Tabla 14. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio de asociación alélica.

<b>CU-11</b>	<b>Crear estudio general de Epidemiología Tradicional.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio general de Epidemiología Tradicional.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Tradicional en el caso específico estudio general de Epidemiología Tradicional. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del

## Capítulo 2: Características del sistema

	estudio.
<b>Referencias</b>	RF 11.1, RF 11.2, RF 11.3, RF 11.4, CUS 2.
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio general de epidemiología tradicional se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico

**Tabla 15. Breve descripción del caso de uso del sistema: Crear estudio general de Epidemiología Tradicional.**

<b>CU-12</b>	<b>Guardar estudio.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea guardar un estudio.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea salvar un estudio. El caso de uso finaliza cuando se salva el estudio.
<b>Referencias</b>	RF 12.1, CUS 3, CUS 5, CUS 6, CUS 7, CUS 8, CUS 9, CUS 10, CUS 11.
<b>Precondiciones</b>	Solo se puede guardar un estudio cuando se insertan datos o cuando se obtienen resultados.
<b>Prioridad</b>	Secundario.

**Tabla 16. Breve descripción del caso de uso del sistema: Guardar estudio.**

### **2.6 Conclusiones del Capítulo.**

En este capítulo quedaron identificados los actores y trabajadores del negocio, se redactaron las reglas del negocio, se realizó el diagrama de actividades y el modelo de objetos. Además se hizo una descripción detallada del caso de uso del negocio. Se definieron los requisitos funcionales y no funcionales que presenta la aplicación informática, se agruparon los requisitos por casos de uso y se

## Capítulo 2: Características del sistema

elaboró el diagrama de casos de uso del sistema con el actor que se definió para ello. También se realizó una breve descripción de los casos de uso del sistema.

## CAPÍTULO 3: DISEÑO DEL SISTEMA

El diseño es el centro de atención al final de la fase de elaboración y el comienzo de las iteraciones de construcción. Esto contribuye a una arquitectura estable, sólida y a crear un plano del modelo de implementación. En este capítulo se modelan las clases del diseño en correspondencia con la realización de los casos de uso descritos en el capítulo anterior. Se hace énfasis en la arquitectura y patrones de diseño utilizados, además de modelar los aspectos dinámicos de la aplicación a través de los diagramas de secuencia.

### 3.1 PATRÓN DE ARQUITECTURA UTILIZADO.

Teniendo en cuenta que la arquitectura es el esqueleto o base de una aplicación se utilizó el patrón de arquitectura en capas, y en correspondencia con las características de la aplicación se identificaron solamente las capas de presentación y negocio ya que no existe una persistencia de bases de datos.



**Ilustración 13. Patrón de arquitectura en capas**

**Capa de presentación:** es la que ve el usuario (también se le denomina "capa de usuario"), presenta el sistema al usuario, le comunica la información y captura la información en un mínimo de procesos (realiza un filtrado previo para comprobar que no hay errores de formato). Esta capa se comunica únicamente con la capa de negocio. También es conocida como interfaz gráfica y debe tener la característica de ser "amigable" (entendible y fácil de usar) para el usuario.

**Capa de negocio:** es donde residen los programas que se ejecutan, se reciben las peticiones del usuario y se envían las respuestas tras el proceso. Se denomina capa de negocio (e incluso de lógica del negocio) porque es aquí donde se establecen todas las reglas que deben cumplirse. Esta capa se comunica con la capa de presentación, para recibir las solicitudes y presentar los resultados.

# Capítulo 3: Diseño del sistema

## 3.2 PRINCIPALES PATRONES DE DISEÑO UTILIZADOS.

Para llevar a cabo el diseño de las clases se usaron diferentes patrones. De los principales que fueron aplicados se pueden señalar los patrones de diseño GoF, específicamente el patrón de creación **Singleton** (Patrón de instancia única) y el estructural **Facade** (Patrón Fachada).

El patrón de diseño **Singleton** está diseñado para restringir la creación de objetos pertenecientes a una clase o el valor de un tipo a un único objeto. En el diagrama Ilustración.15 se muestra que las clases *CI\_EpidemiologíaTradicional* y *CI\_EpidemiologíaGenética* tienen un método llamado *getEstudioSingleton()* que garantiza un punto de acceso global al objeto estudio y así poder acceder en determinadas situaciones a esta instancia, poder cambiar sus configuraciones y utilizarlo según la necesidad. Para asegurar que la clase no pueda ser instanciada nuevamente se regula el alcance del constructor (con atributos como protegido o privado).

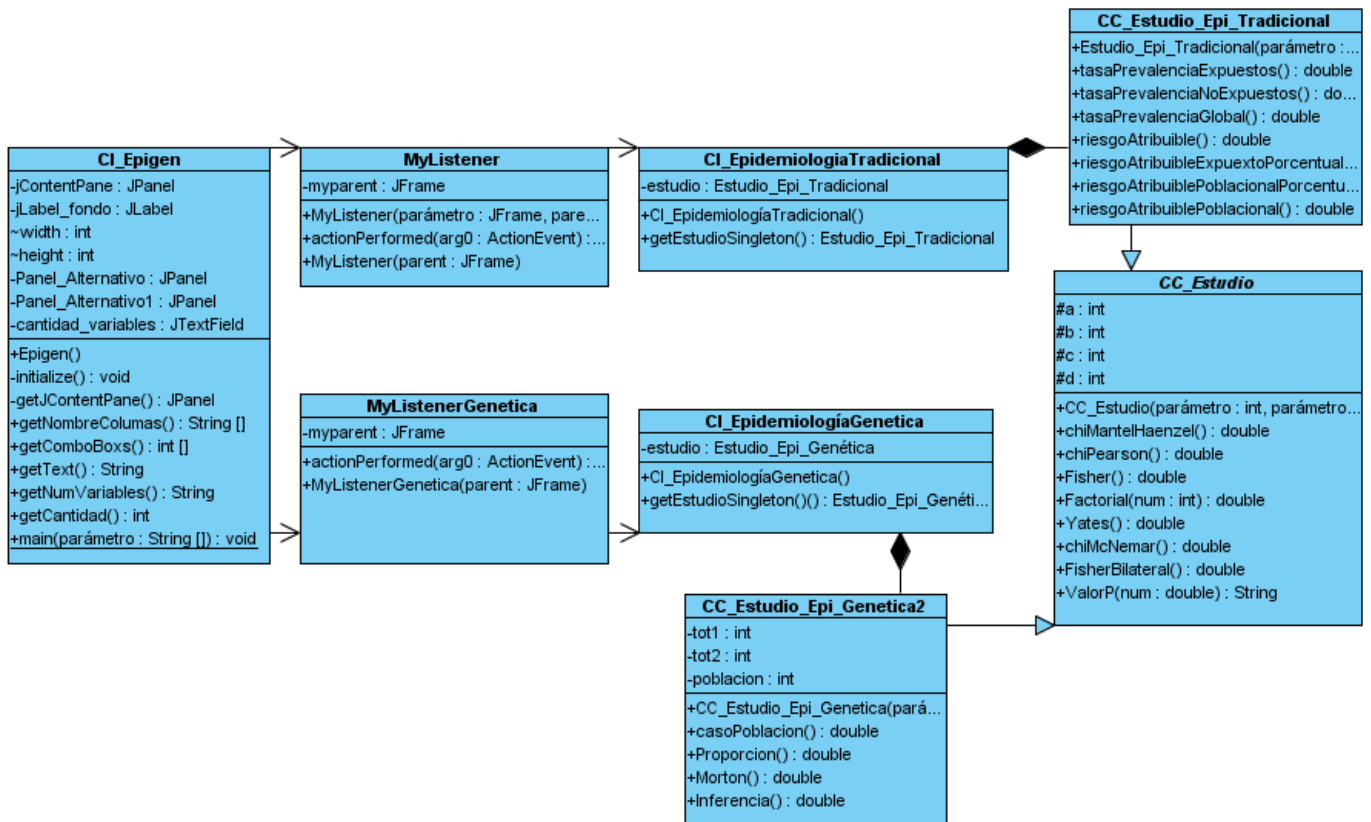


Ilustración 14. Aplicación de patrones GoF

## Capítulo 3: Diseño del sistema

En el diagrama también se ilustra el uso del patrón **Fachada**. Este patrón sirve para proveer de una interfaz unificada y sencilla que haga de intermediaria entre un cliente y una interfaz o grupo de interfaces más complejas y en este caso antes de que un usuario pueda realizar un tipo de estudio debe realizar algunas configuraciones iniciales y luego se presenta una vista más compleja que tiene una relación directa con el modelo.

Este patrón se evidencia ya que una vez creada la clase interfaz `CI_Epigen`, el usuario tiene la posibilidad de realizar un estudio de Epidemiología Genética o Epidemiología Tradicional, si decide hacer este último debe introducir el número de variables y su tipo de dato. Todas estas configuraciones iniciales se traspasan a las interfaces más complejas con las clases `MyListener` para la clase `CI_EpidemiologíaTradicional` y `MyListenerGenetica` para la clase `CI_EpidemiologíaGenetica` dando la posibilidad de mantener en ejecución una instancia de la clase principal y poder acceder a ella en cualquier momento.

Por otra parte otros patrones aplicados fueron los patrones GRASP, y dentro de sus principales clasificaciones se puede señalar el uso del patrón **Bajo Acoplamiento** ya que en el diagrama de clases Ilustración.16 se evidencia que existe una escasa relación entre clases, de tal forma que en caso de producirse una modificación en alguna de ellas, se tenga la mínima repercusión posible en el resto de las clases, potenciando la reutilización, y disminuyendo la dependencia entre las mismas.

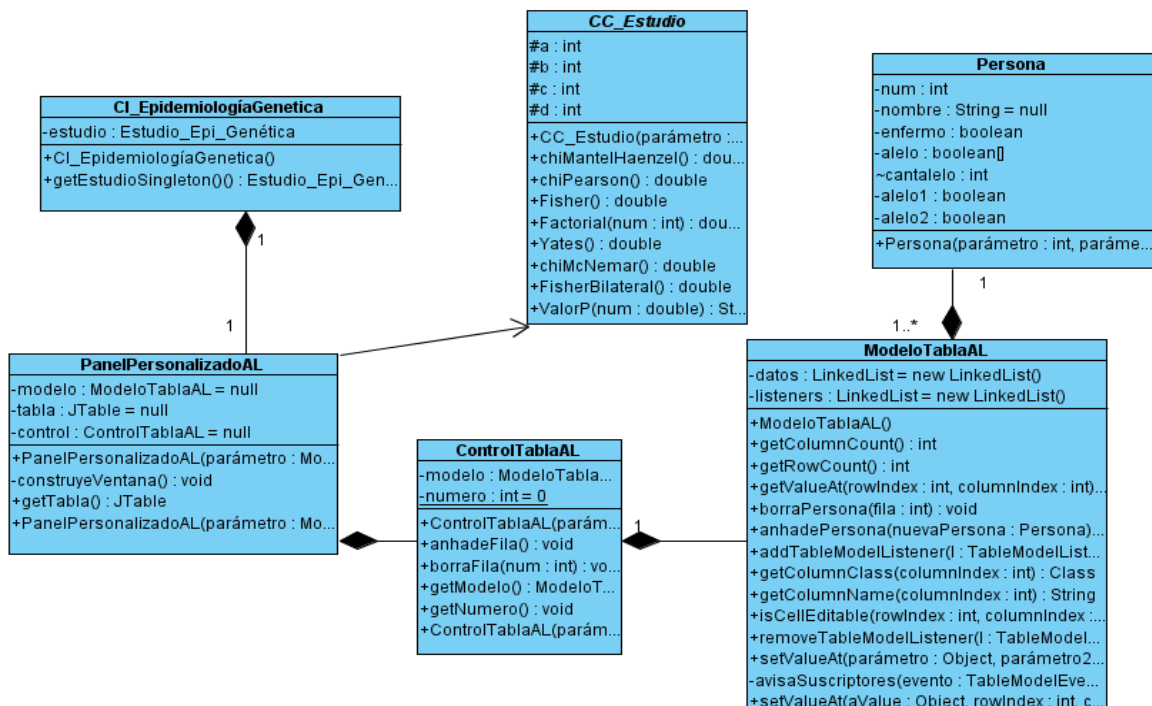


Ilustración 15. Aplicación de patrones de diseño DCD Asociación Alélica

## Capítulo 3: Diseño del sistema

Otro patrón GRASP utilizado es el **Creador**. Este guía la asignación de responsabilidades relacionadas con la creación de objetos, tarea muy frecuente en los sistemas orientados a objetos y tiene el propósito fundamental de encontrar un creador que se debe conectar con el objeto producido en cualquier evento. En el diagrama Ilustración.16 se muestra que la clase CI\_EpidemiologíaGenética es la encargada de crear la instancia PanelPersonalizado al existir una relación fuerte, y esta a su vez crea la de ControlTablaAl quien maneja todos los eventos sobre la estructura de la tabla y así sucesivamente.

También se usó el patrón **Alta Cohesión**, ya que mantiene la complejidad dentro de límites manejables y garantiza que las clases con responsabilidades estrechamente relacionadas no realicen un trabajo enorme, además se empleó el patrón **Controlador** que sirve como intermediario entre cada una de las clases interfaz CI\_EpidemiologíaGenética y el algoritmo que la implementa, de tal forma que es la que recibe los datos del usuario a través del PanelPersonalizadoAL y los envía a la clase CC\_Estudio con el objetivo de ejecutar las acciones correspondientes.

### **3.3 DIAGRAMAS DE CLASES DEL DISEÑO.**

El diagrama de clases del diseño describe gráficamente las especificaciones de las clases de software y de las interfaces en una aplicación.

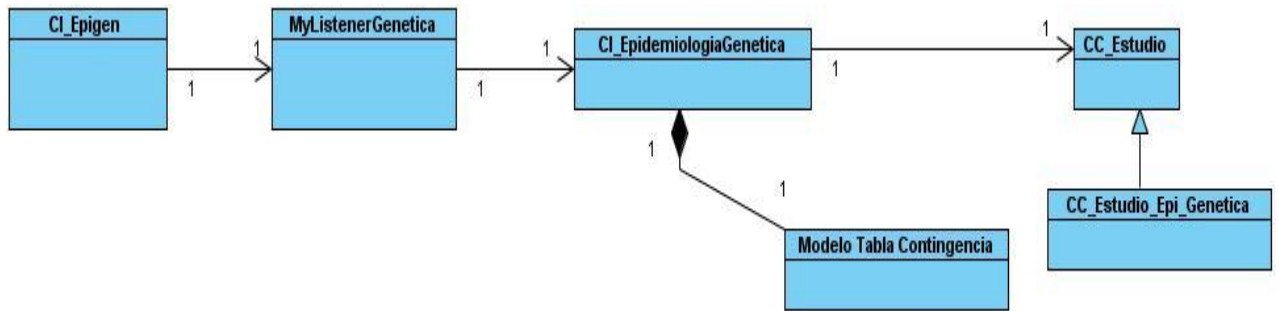
#### **Aspectos necesarios en la comprensión de las clases del diseño.**

Los diagramas de clases del diseño se realizaron por casos de uso del sistema, en los que intervienen diferentes clases, los cuales se representan a continuación.

En el siguiente diagrama de clases del diseño del CUS (caso de uso del sistema) Crear estudio de familiares interviene como clase interfaz EpiGen que es la que interactúa con el usuario para realizar las configuraciones iniciales del estudio, las cuales a través de MyListenerGenetica se traspasan a la clase interfaz EpidemiologiaGenética y en ella se encuentra la hoja de recolección de datos que se representa mediante la clase ModeloTabla Contingencia. Todos los datos son procesados y validados enviándose a la clase controladora Estudio\_ Epi\_Genetica la cual tiene las funcionalidades para arrojar los resultados.



## Capítulo 3: Diseño del sistema



**Ilustración 16. Diagrama de clases del diseño: CU Crear estudio de familiares.**

En el siguiente diagrama de clases del diseño del CUS Crear estudio de total de familiares interviene como clase interfaz Epigen que es la que interactúa con el usuario para realizar las configuraciones iniciales del estudio, las cuales a través de MyListenerGenetica se traspasan a la clase interfaz EpidemiologiaGenética y en ella se encuentra la hoja de recolección de datos que se representa mediante la clase PanelPersonalizado que tiene la responsabilidad de todas las acciones sobre la tabla con el uso de la clase ControlTabla y ModeloTabla. La clase Persona interviene dentro del ModeloTabla para representar cada variable como una estructura de datos. Todos los datos son procesados y validados enviándose a la clase controladora Estudio\_ Epi\_Genetica la cual tiene las funcionalidades para arrojar los resultados. Esta explicación es válida también para los CUS Crear estudio asociación alélica, Crear estudio clásicos en gemelos, Crear estudio de gemelos DZ frente a hermano carnal, Crear estudio de casos población y Crear estudio de gemelos MZ frente a DZ.

# Capítulo 3: Diseño del sistema

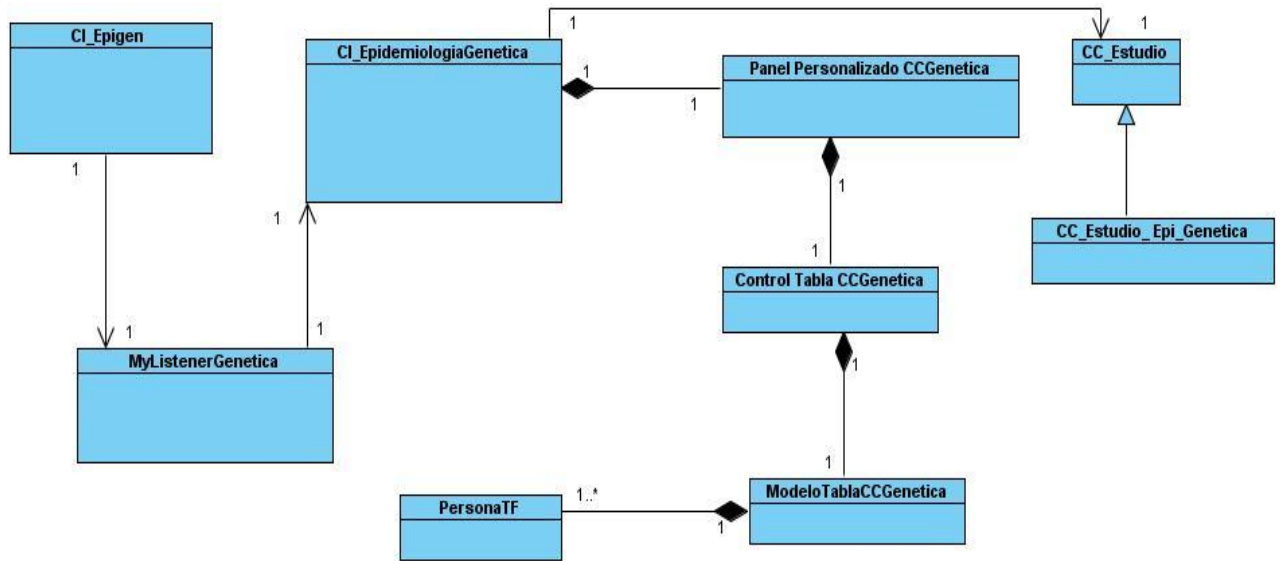


Ilustración 17. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de total de familiares

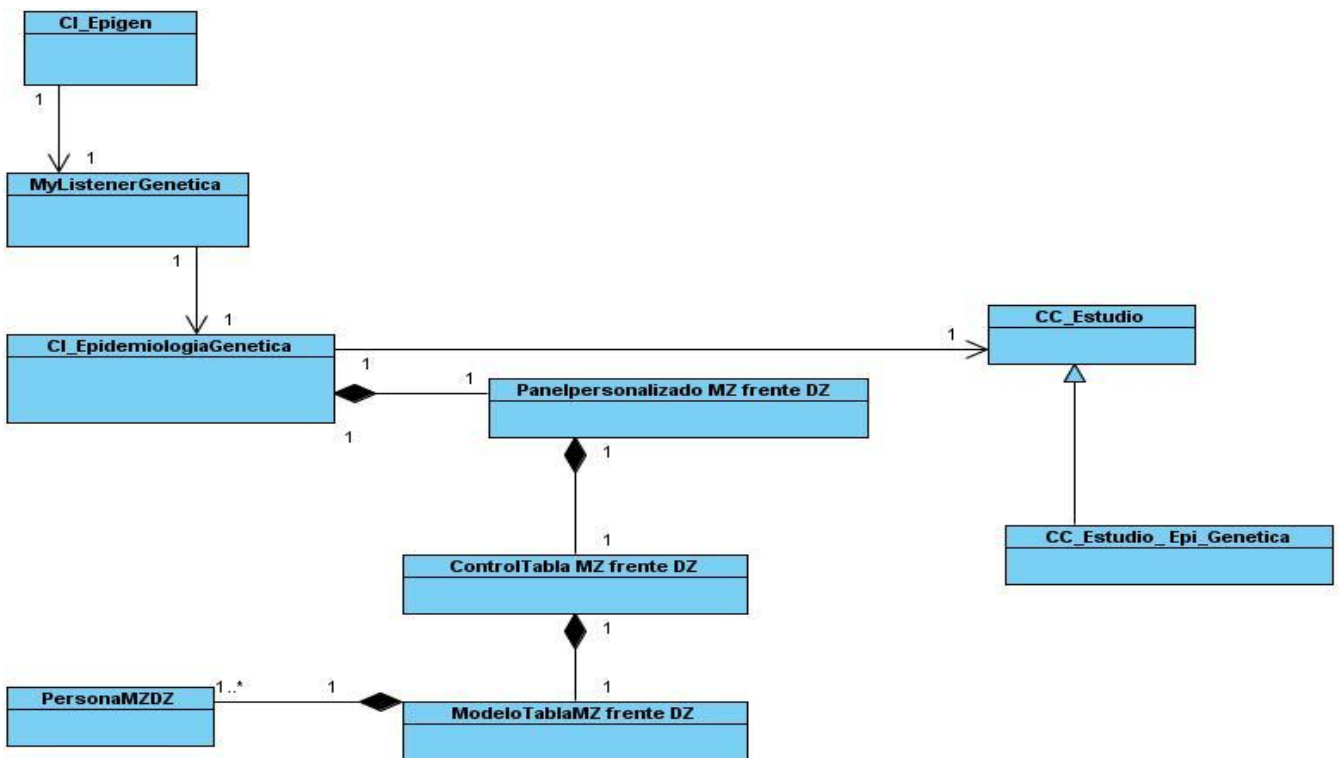


Ilustración 18. Diagrama de clase del diseño CU: Crear estudio de gemelos MZ frente a DZ.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

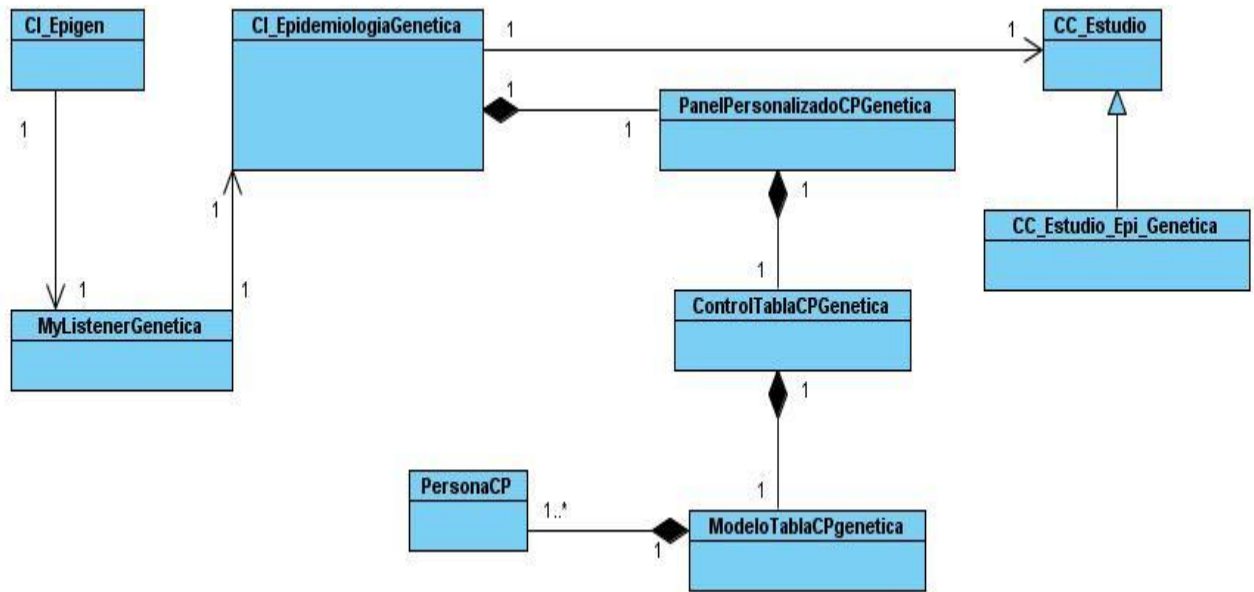


Ilustración 19. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de casos población.

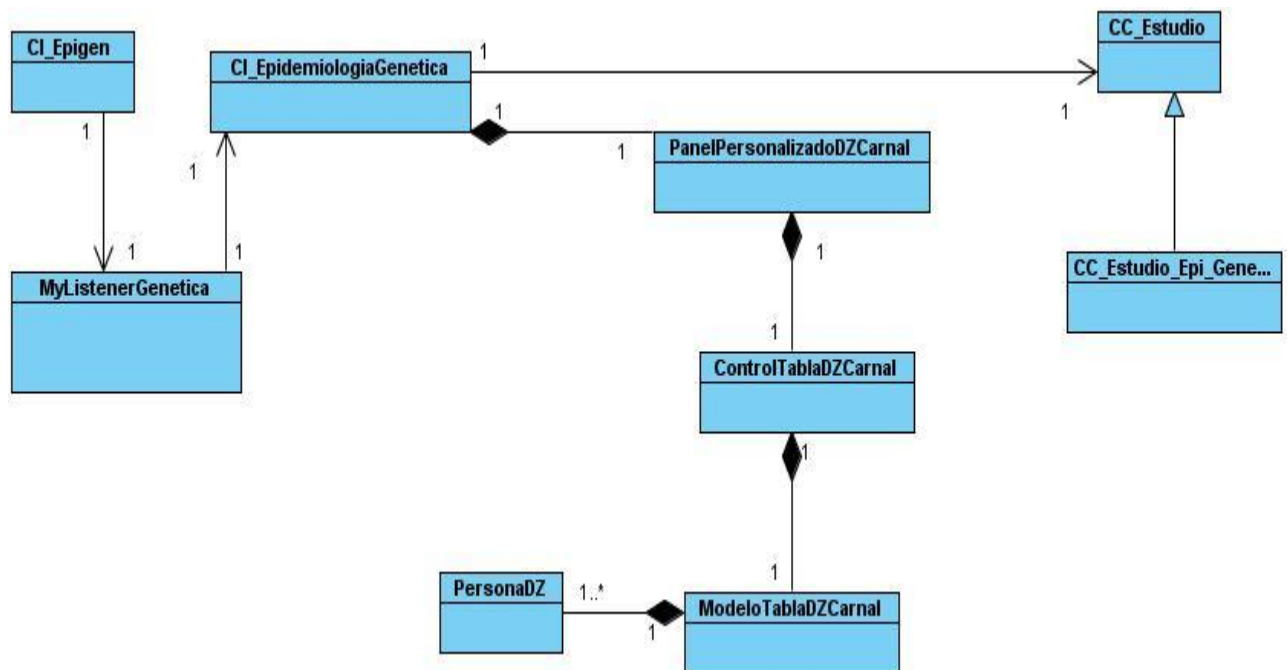


Ilustración 20. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio de gemelos DZ frente a hermano carnal.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

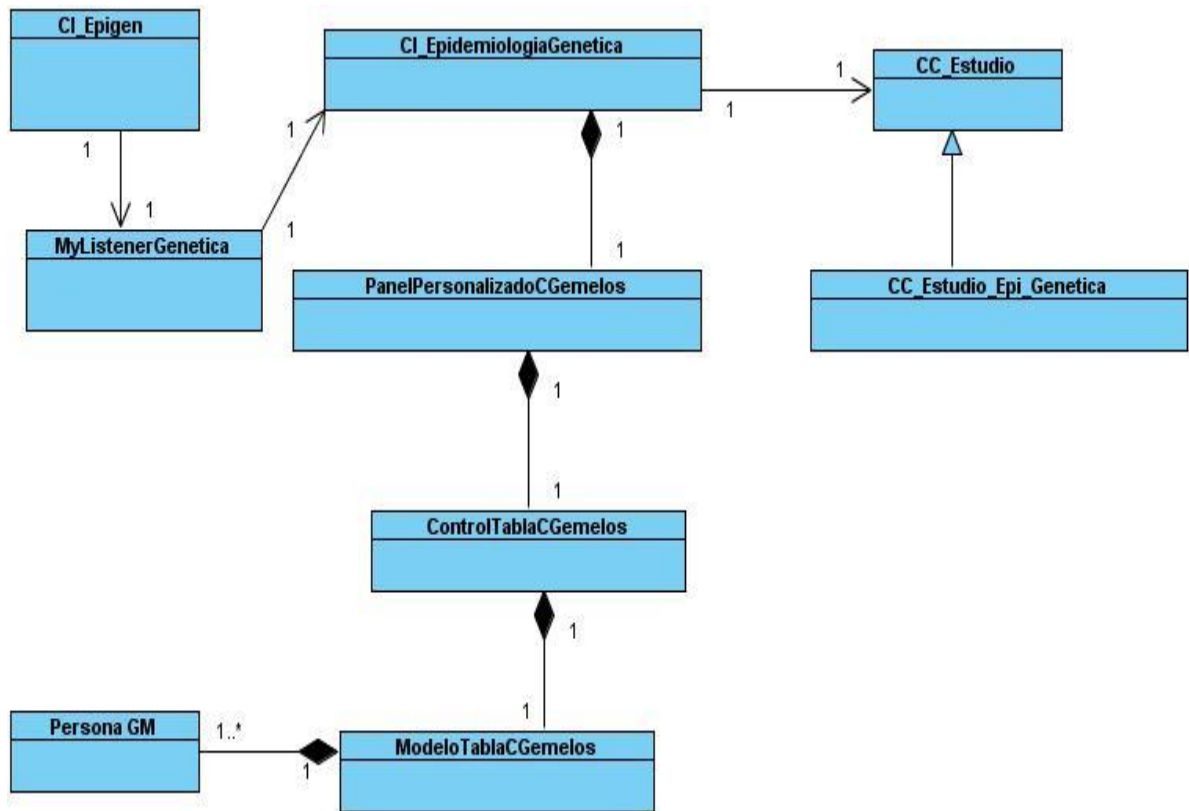


Ilustración 21. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio clásicos en gemelos.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

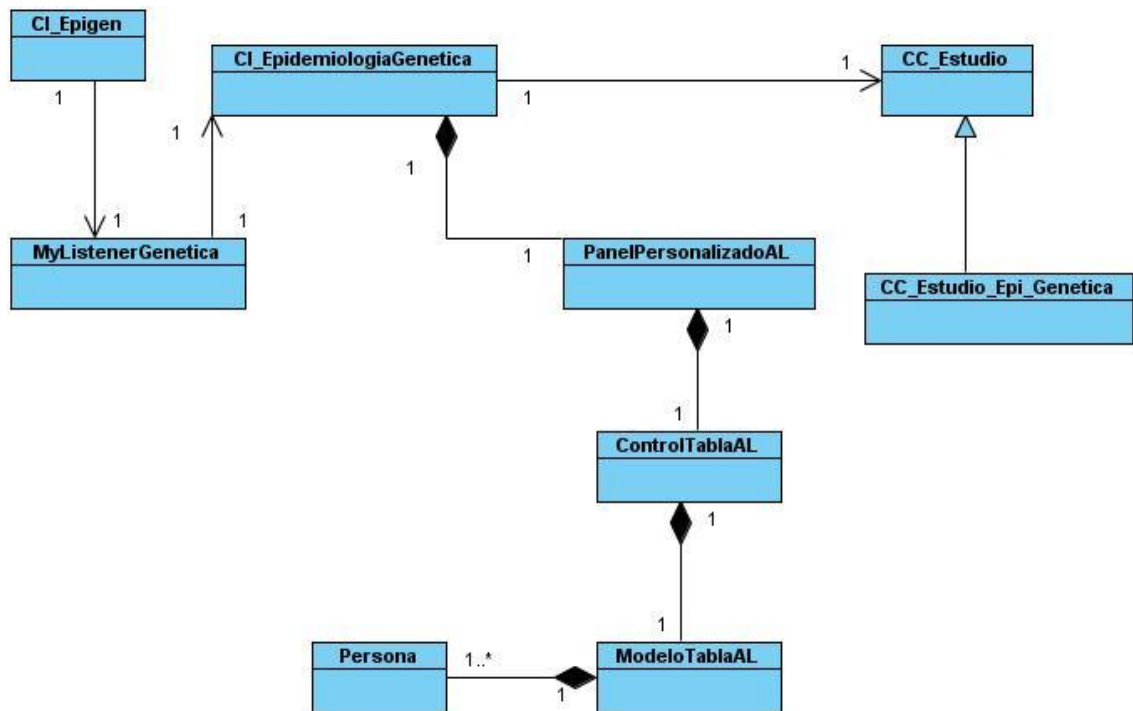
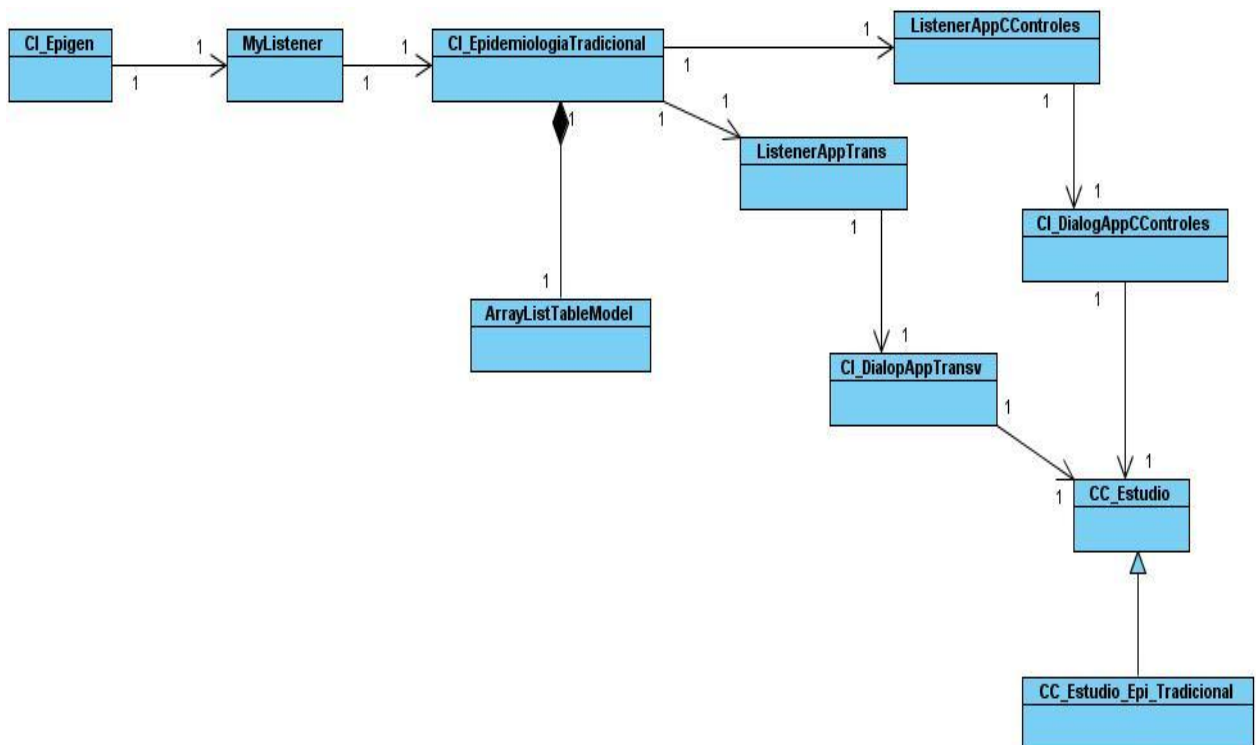


Ilustración 22. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio asociación alélica.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

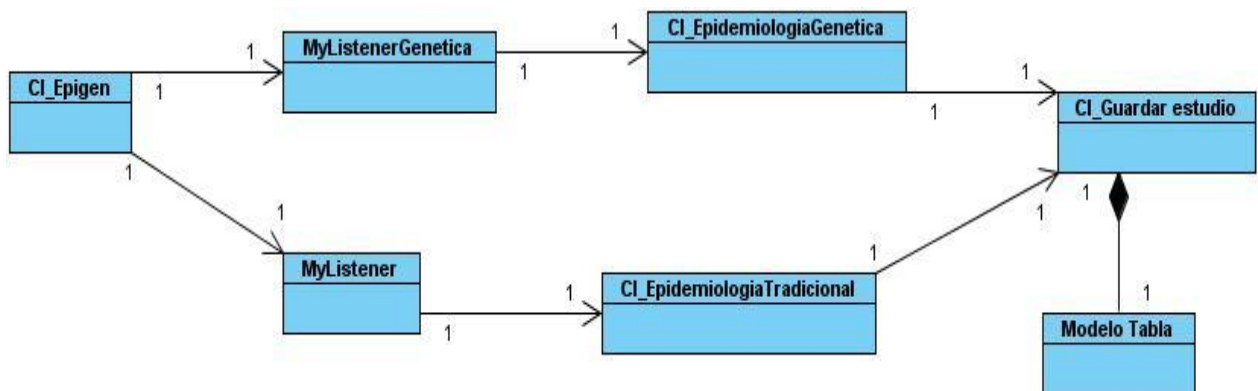
En el siguiente diagrama de clases del diseño del CUS Crear estudio general de epidemiología tradicional interviene como clase interfaz Epigen que es la que interactúa con el usuario para realizar las configuraciones iniciales del estudio, las cuales a través de MyListener se traspasan a la clase interfaz EpidemiologiaTradicional y en ella se encuentra la hoja de recolección de datos que se representa mediante la clase ArrayListTableModel que tiene la responsabilidad de todas las acciones sobre la tabla. Si el usuario decide realizar un tipo de estudio de casos control se muestra la clase interfaz DialogAppCControles donde se selecciona la variable a analizar y se envía a la clase controladora Estudio\_ Epi\_Tradicional la cual tiene las funcionalidades para arrojar los resultados. Si el usuario decide realizar un tipo de estudio transversal se muestra la clase interfaz DialogAppTransv donde se seleccionan las variables a combinar y se envía a la clase controladora Estudio\_ Epi\_Tradicional la cual tiene las funcionalidades para arrojar los resultados.



**Ilustración 23. Diagrama de clases del diseño CU: Crear estudio general de Epidemiologia Tradicional**

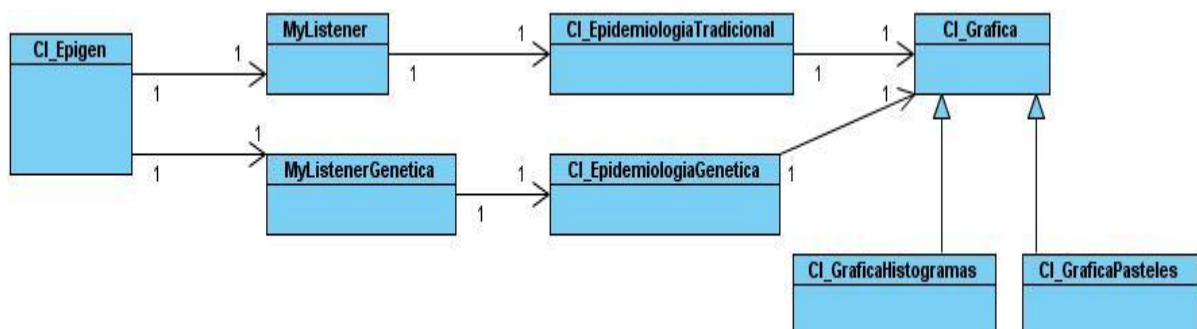
## Capítulo 3: Diseño del sistema

Un estudio puede salvarse una vez que el usuario se encuentre en alguna interfaz de los mismos. En el siguiente diagrama de clases del diseño del CUS Guardar estudio interviene como clase interfaz Epigen que es la que interactúa con el usuario para realizar las configuraciones iniciales del estudio y llegar a las interfaces de epidemiología genética o tradicional. Una vez que desee salvar interviene la CI\_Guardar estudio la cual tiene todas las funciones para ello utilizando la clase Modelo Tabla.



**Ilustración 24. Diagrama de clases del diseño CU: Guardar estudio.**

Un estudio puede graficarse una vez que se haya obtenido algún resultado del mismo. En el siguiente diagrama de clases del diseño del CUS Graficar estudio interviene como clase interfaz Epigen que es la que interactúa con el usuario para realizar las configuraciones iniciales del estudio y llegar a las interfaces de epidemiología genética o tradicional. Una vez que se hayan obtenido resultados y se desee graficarlos interviene la CI\_Grafica la cual tiene todas las funciones para ello, en dependencia de la gráfica seleccionada, intervienen las clases GraficaHistograma y GraficaPasteles.



**Ilustración 25. Diagrama de clases del diseño CU: Graficar estudio.**

## Capítulo 3: Diseño del sistema

### 3.4 DESCRIPCIÓN DE LAS CLASES DEL DISEÑO.

Clases que están presentes en la Capa de Presentación.

Nombre: Epigen	
Tipo de clase : Interfaz	
Responsabilidades: Contiene las configuraciones necesarias para la creación de los tipos de estudio.	
Nombre:	<b>initialize()</b>
Descripción:	Inicializa las propiedades de la interfaz.
Nombre:	<b>getJContentPane()</b>
Descripción:	Contiene todos los elementos dentro de la forma.
Nombre:	<b>getComboBoxs</b>
Descripción:	Devuelve el tipo de variable seleccionada en el estudio de Epidemiología Tradicional.
Nombre:	<b>getCantidad()</b>
Descripción:	Devuelve la cantidad de variables con las cuales se desea realizar un estudio de Epidemiología Tradicional.
Nombre:	<b>getAutor()</b>
Descripción:	Devuelve el nombre del autor del estudio.
Nombre:	<b>getTitulo()</b>
Descripción:	Devuelve el título del estudio.
Nombre:	<b>getCategorias()</b>
Descripción:	Devuelve el tipo de categoría para realizar el estudio que puede ser: Epidemiología Tradicional o Epidemiología Genética.

Tabla 17. Descripción de la clase Epigen

Nombre: MyListenerGenetica	
Tipo de clase : clase	
Responsabilidades: Traspaso del objeto de la interfaz principal hacia la interfaz de Epidemiología Genética.	
Nombre:	<b>actionPerformed(arg0 : java.awt.event.ActionEvent)</b>



## Capítulo 3: Diseño del sistema

Descripción:	Mostrar una nueva interfaz.
--------------	-----------------------------

**Tabla 19. Descripción de la clase MyListenerGenetica**

<b>Nombre: MyListener</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Traspaso del objeto de la interfaz principal hacia la interfaz de Epidemiología Tradicional.	
Nombre:	<b>actionPerformed(arg0 : java.awt.event.ActionEvent)</b>
Descripción:	Mostrar una nueva interfaz.

**Tabla 18. Descripción de la clase MyListener**

<b>Nombre: Epidemiología Genética.</b>	
<b>Tipo de clase : Interfaz</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Es la que contiene todas las funcionalidades de los estudios de Epidemiologia Genética una vez creado un estudio.	
Nombre:	<b>initialize()</b>
Descripción:	Inicializa las propiedades de la interfaz.
Nombre:	<b>getJContentPane()</b>
Descripción:	Contiene todos los elementos dentro de la interfaz.
Nombre:	<b>get_Total_Familiares_Afectados()</b>
Descripción:	Procesamiento de la entrada de los datos en las tablas.
Nombre:	<b>get_TotalFamiliares_Personas()</b>
Descripción:	Procesamiento de la entrada de los datos en las tablas.

**Tabla 20. Descripción de la clase Epidemiología Genética.**

## Capítulo 3: Diseño del sistema

Nombre: Epidemiología Tradicional.	
Tipo de clase : Interfaz	
Responsabilidades: Es la que contiene todas las funcionalidades de los estudios de Epidemiología Tradicional una vez creado un estudio.	
Nombre:	<b>initialize()</b>
Descripción:	Inicializa las propiedades de la interfaz.
Nombre:	<b>getJContentPane()</b>
Descripción:	Contiene todos los elementos dentro de la interfaz.
Nombre:	<b>calcularCasoControl(columna : int)</b>
Descripción:	Procesamiento de la entrada de los datos en las tablas.

**Tabla 21.** Descripción de la clase Epidemiología Tradicional.

Nombre: DialogAppTradTransv	
Tipo de clase : clase	
Responsabilidades: Es la encargada de combinar los factores de riesgo para realizar el estudio.	
Nombre:	<b>initialize()</b>
Descripción:	Inicializa las propiedades de la interfaz.
Nombre:	<b>getJContentPane()</b>
Descripción:	Contiene todos los elementos dentro de la interfaz.
Nombre:	<b>getAceptar()</b>
Descripción:	Llama al método <b>calcularCasoControl (columna: int)</b> para el procesamiento de la entrada de los datos en las tablas.
Nombre:	<b>getJList()</b>
Descripción:	Permite combinar los factores de riesgo para realizar el estudio.

**Tabla 22.** Descripción de la clase DialogAppTradTransv.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

Nombre: DialogAppCControles	
Tipo de clase : clase	
Responsabilidades: Es la encargada de seleccionar el factor de riesgo para realizar el estudio.	
Nombre:	<b>initialize()</b>
Descripción:	Inicializa las propiedades de la interfaz.
Nombre:	<b>getJContentPane()</b>
Descripción:	Contiene todos los elementos dentro de la interfaz.
Nombre:	<b>getAceptar()</b>
Descripción:	Llama al método <b>calcularCasoControl (columna: int)</b> para el procesamiento de la entrada de los datos en las tablas.
Nombre:	<b>getJList()</b>
Descripción:	Permite seleccionar el factor de riesgo para realizar el estudio.

**Tabla 23.** Descripción de la clase DialogAppCControles.

Nombre: ListenerAppTrans	
Tipo de clase : clase	
Responsabilidades: Traspaso del objeto de la interfaz <b>Epidemiología Tradicional</b> hacia <b>DialogAppTradTransv</b>	
Nombre:	<b>actionPerformed(arg0 : java.awt.event.ActionEvent)</b>
Descripción:	Mostrar una nueva interfaz.

**Tabla 24.** Descripción de la clase ListenerAppTrans.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

<b>Nombre: ListenerAppCControles</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Traspaso del objeto de la interfaz <b>Epidemiología Tradicional</b> hacia <b>DialogAppCControles</b> .	
Nombre:	<b>actionPerformed(arg0 : java.awt.event.ActionEvent)</b>
Descripción:	Mostrar una nueva interfaz.

**Tabla 25.** Descripción de la clase ListenerAppCControles.

<b>Nombre: ArrayListTableModel</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Es la responsable de crear la tabla de manera general es un estudio de Epidemiologia Tradicional.	
Nombre:	<b>ArrayListTableModel(data : Object [][] , columnNames : Object [], clases : Class [])</b>
Descripción:	Es el método que construye la clase.
Nombre:	<b>addColumn(columnName : Object, columnData : Object [])</b>
Descripción:	Añade cantidad de columnas.
Nombre:	<b>removeRow(row : int)</b>
Descripción:	Pasada la posición de la fila que se desea eliminar la borra de la tabla.
Nombre:	<b>addRow(rowData : Object [])</b>
Descripción:	Añade filas a la tabla.

**Tabla 26.** Descripción de la clase ArrayListTableModel.

## Capítulo 3: Diseño del sistema

<b>Nombre: Modelo Tabla Contingencia</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Es la responsable de crear la tabla de contingencia necesaria para la entrada de los datos y así poder crear un estudio de familiares.	
Nombre:	<b>Modelo Tabla Contingencia(parámetro : java.lang.Object [], parámetro2 : java.lang.String [])</b>
Descripción:	Constructor de la clase.

**Tabla 27.Descripción de la clase Modelo Tabla Contingencia**

<b>Nombre: PanelPersonalizadoCCGenetica</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Muestra la tabla para introducir los datos de un tipo de estudio específico.	
Nombre:	<b>PanelPersonalizadoCCGenetica(parámetro : CasoyControlGenetica.ModeloTablaCCGenetica, parámetro2 : CasoyControlGenetica.ControlTablaCCGenetica)</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>construyeVentana()</b>
Descripción:	Muestra una interfaz con la tabla.
Nombre:	<b>getTabla()</b>
Descripción:	Devuelve la tabla.

**Tabla 28.Descripción de la clase PanelPersonalizadoCCGenetica**

## Capítulo 3: Diseño del sistema

<b>Nombre: ModeloTablaCCGenetica</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Es la encargada de realizar el modelo de tabla.	
Nombre:	<b>ModeloTablaCCGenetica()</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>anhadePersona(parámetro : CasoyControlGenetica.PersonaTF)</b>
Descripción:	Añade filas a la tabla.

**Tabla 29.Descripción de la clase ModeloTablaCCGenetica**

<b>Nombre: PersonaTF</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Contiene los datos de los atributos de la tabla.	
Nombre:	<b>PersonaTF(parámetro : int, parámetro2 : java.lang.String, parámetro3 : boolean, parámetro4 : int, parámetro5 : int)</b>
Descripción:	Construye la clase.

**Tabla 30.Descripción de la clase PersonaTF**

<b>Nombre: ControlTablaCCGenetica</b>	
<b>Tipo de clase : clase</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Contiene el modelo de tabla y controla cambios en el mismo.	
Nombre:	<b>ControlTablaCCGenetica(parámetro : CasoyControlGenetica.ModeloTablaCCGenetica)</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>anhadeFila()</b>
Descripción:	Añade filas.
Nombre:	<b>borraFila(parámetro : int)</b>
Descripción:	Borra filas.

**Tabla 31.Descripción de la clase ControlTablaCCGenetica**

## Capítulo 3: Diseño del sistema

### Clases presentes en la Capa de Negocio.

<b>Nombre: Estudio</b>	
<b>Tipo de clase : controladora</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Contiene los datos necesarios para realizar varios cálculos correspondientes a funcionalidades de Epidemiología Genética y Epidemiología Tradicional.	
Nombre:	<b>CC_Estudio(parámetro : int, parámetro2 : int, parámetro3 : int, parámetro4 : int, a : int, b : int, c : int, d : int)</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>chiMantelHaenzel()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Fisher()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Yates()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>chiMcNemar()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>FisherBilateral()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>ValorP(num : double)</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.

**Tabla 32. Descripción de la clase Estudio**

<b>Nombre: Estudio_Epi_Genetica</b>	
<b>Tipo de clase : controladora</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Contiene los datos necesarios para realizar varios cálculos correspondientes a funcionalidades de Epidemiología Genética.	
Nombre:	<b>CC_Estudio_Epi_Genetica(parámetro : int, parámetro2 : int, parámetro3 : int,</b>

## Capítulo 3: Diseño del sistema

	<b>parámetro4 : int, parámetro5 : int, parámetro6 : int, parámetro7 : int, a : int, b : int, c : int, d : int, tot1 : int, to2 : int, poblacion : int)</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>casoPoblacion()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Proporcion()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Morton()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Inferencia()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.

**Tabla 33. Descripción de la clase Estudio\_Epi\_Genetica**

<b>Nombre: Estudio_Epi_Tradicional</b>	
<b>Tipo de clase : controladora</b>	
<b>Responsabilidades:</b> Contiene los datos necesarios para realizar varios cálculos correspondientes a funcionalidades de Epidemiología Tradicional.	
Nombre:	<b>Estudio_Epi_Tradicional(parámetro : int, parámetro2 : int, parámetro3 : int, parámetro4 : int, a : int, b : int, c : int, d : int)</b>
Descripción:	Construye la clase.
Nombre:	<b>tasaPrevalenciaExpuestos()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>tasaPrevalenciaNoExpuestos()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>tasaPrevalenciaGlobal()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>Inferencia()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>oddsRadio()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.



## Capítulo 3: Diseño del sistema

Nombre:	<b>intervaloConfianzaInicio()</b>
Descripción:	Método que devuelve el inicio del intervalo de confianza.
Nombre:	<b>intervaloConfianzaFinal()</b>
Descripción:	Método que devuelve el final de un intervalo de confianza.
Nombre:	<b>riesgoRelativo()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>riesgoAtribuible()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>riesgoAtribuibleExpuextoPorcentual()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>riesgoAtribuiblePoblacionalPorcentual()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.
Nombre:	<b>riesgoAtribuiblePoblacional()</b>
Descripción:	Método que devuelve un resultado de un cálculo aplicado a un estudio específico.

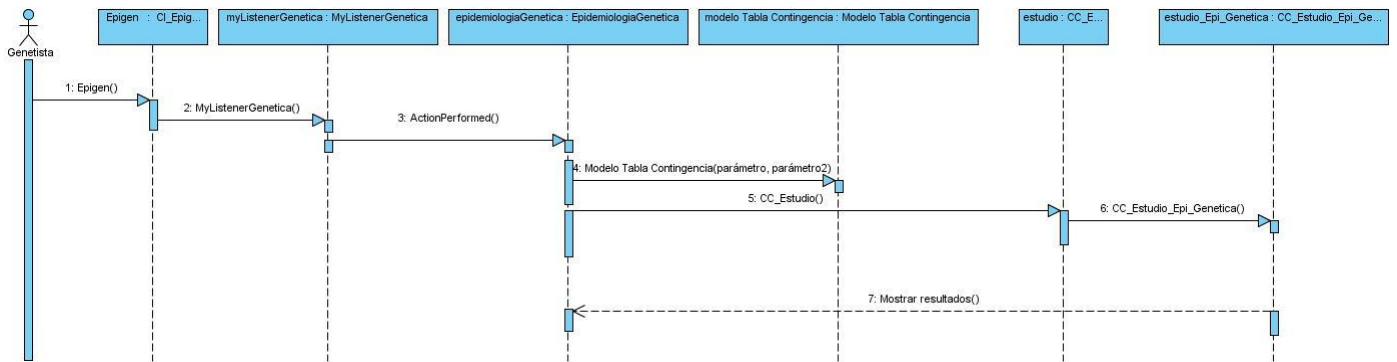
**Tabla 34. Descripción de la clase Estudio\_Epi\_Tradicional**

### **3.5 DIAGRAMAS DE SECUENCIA.**

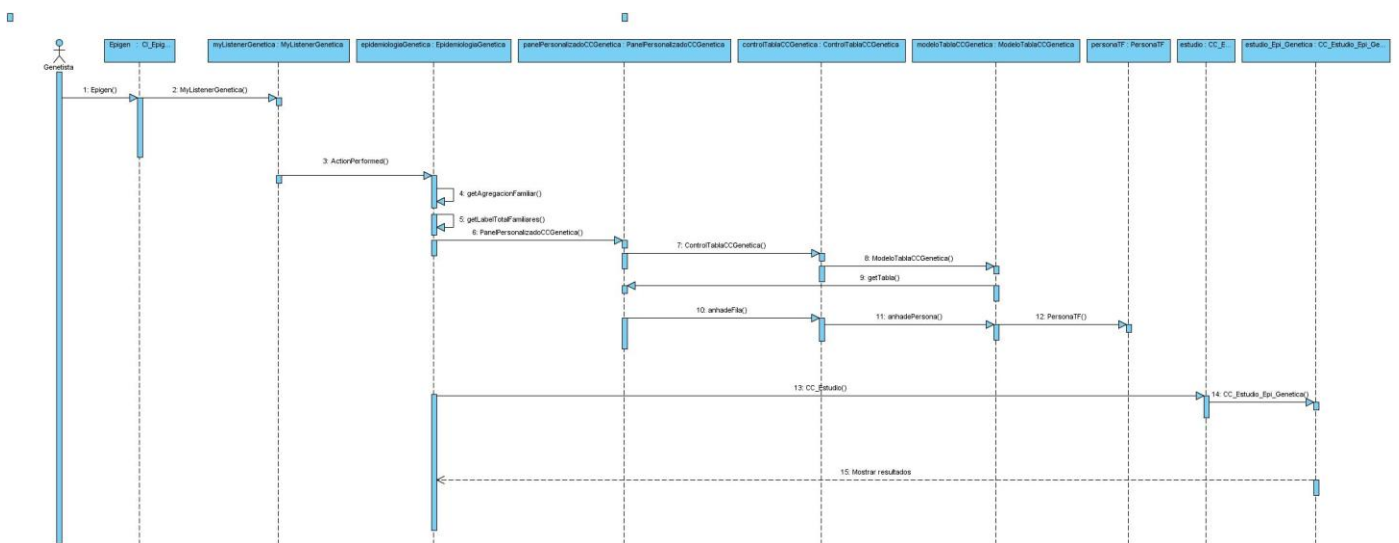
La secuencia de acciones en un caso de uso comienza cuando un actor invoca el caso de uso mediante el envío de algún tipo de mensaje al sistema. Si se considera el interior del sistema, se tendrá algún objeto de diseño que recibe el mensaje del actor. Después el objeto de diseño recibe algún mensaje de otro objeto, y de esta manera los objetos implicados interactúan para realizar y llevar a cabo el caso de uso ya que el centro de atención principal es el encontrar secuencias de interacciones detalladas y ordenadas en el tiempo.

En los diagramas de secuencia se muestran las interacciones entre objetos mediante transferencia de mensajes entre objetos o subsistemas. En el diseño es preferible realizar esto con diagramas de secuencia.

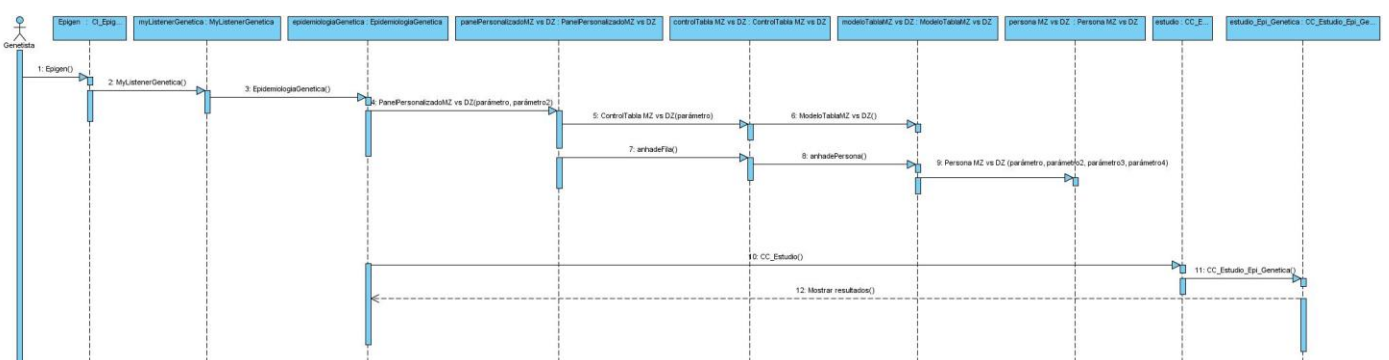
# Capítulo 3: Diseño del sistema



**Ilustración 26. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de familiares**



**Ilustración 27. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio total de familiares**



**Ilustración 28. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de gemelo MZ frente a DZ.**

# Capítulo 3: Diseño del sistema

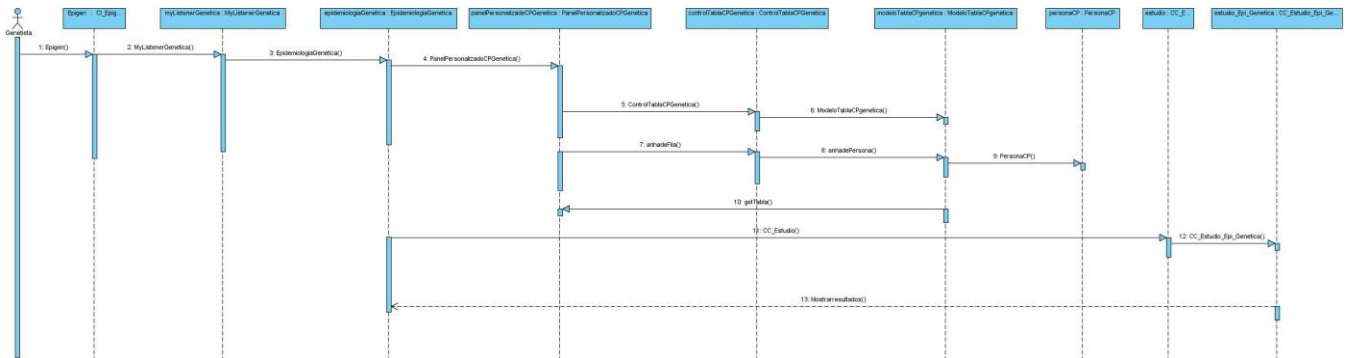


Ilustración 29. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de casos población.

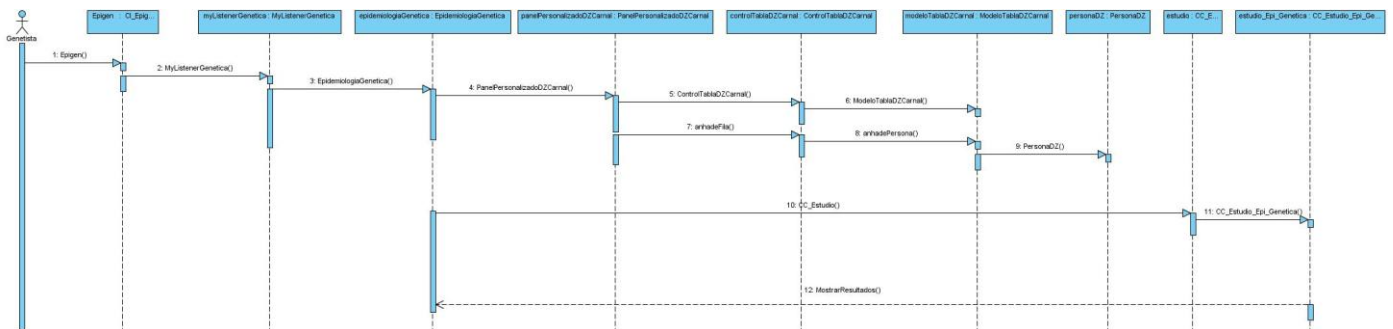


Ilustración 30. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de gemelo DZ frente a HC.

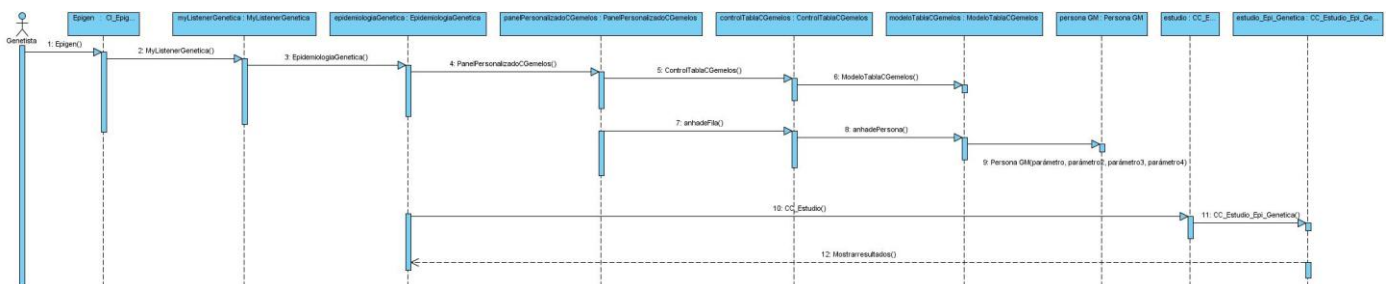
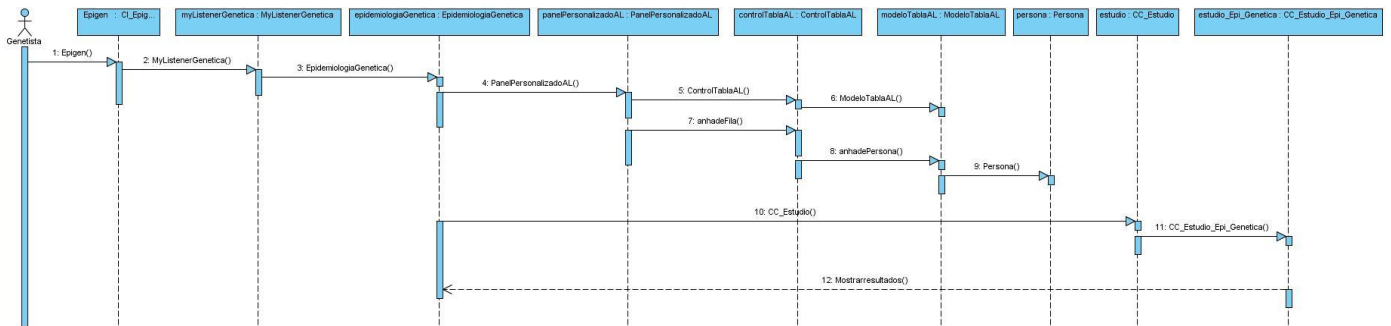
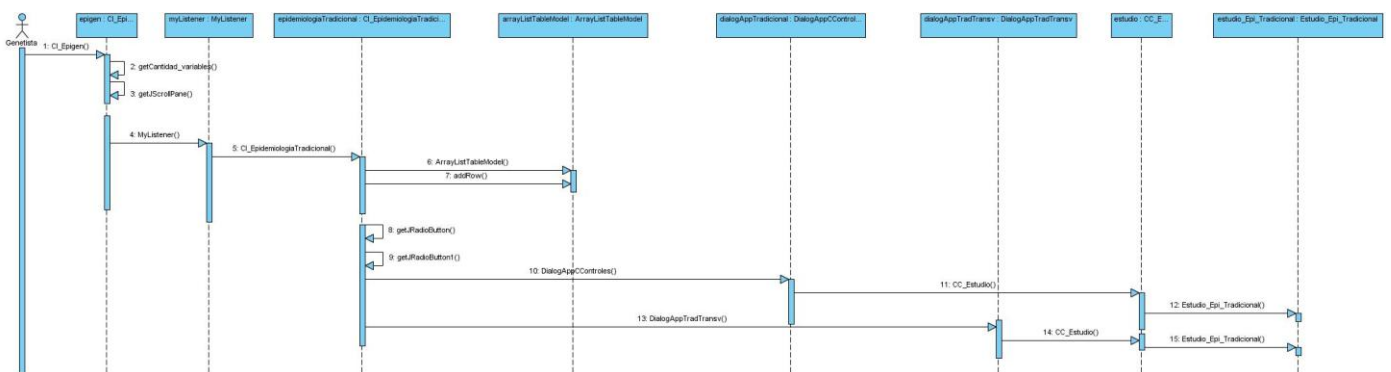


Ilustración 31. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de clásicos en gemelos.

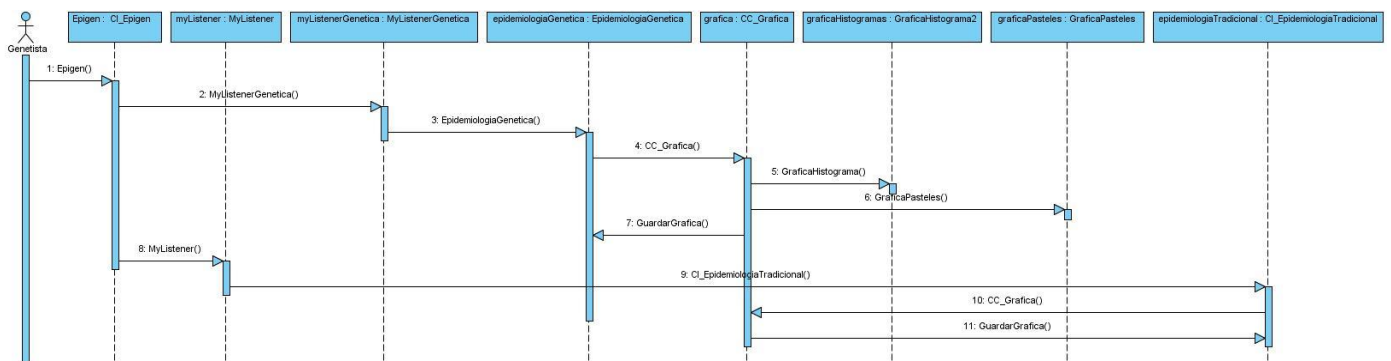
# Capítulo 3: Diseño del sistema



**Ilustración 32. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio de asociación alélica.**



**Ilustración 33. Diagrama de secuencia CU: Crear estudio general de epidemiología tradicional.**



**Ilustración 34. Diagrama de secuencia CU: Graficar estudio.**

# Capítulo 3: Diseño del sistema

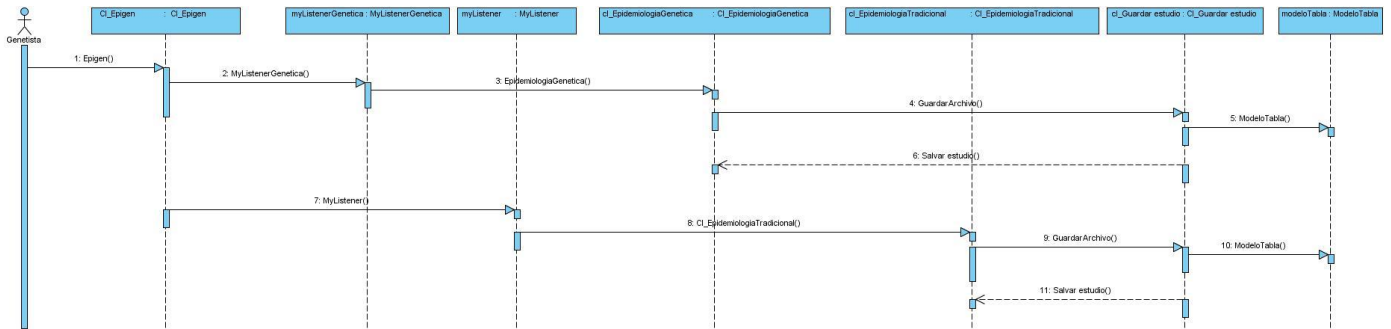


Ilustración 35. Diagrama de secuencia CU: Guardar estudio.

### 3.6 MODELO DE DESPLIEGUE

El modelo de despliegue es un modelo de objetos que describe la distribución física del sistema en términos de cómo se distribuye la funcionalidad entre todos los nodos de cómputo. El modelo de despliegue se utiliza como entrada fundamental en las actividades de diseño e implementación debido a que la distribución del sistema tiene una influencia principal en su diseño. Debido a que la aplicación es de escritorio ya que los genetistas necesitan utilizarla en cualquier estación de trabajo sin importar el lugar donde se encuentren, no debe estar conectada a la red solo intervienen como nodo principal la computadora cliente donde está alojada la misma y una impresora que se utilizará solo en el caso de que se desee imprimir un reporte de algún estudio epidemiológico.

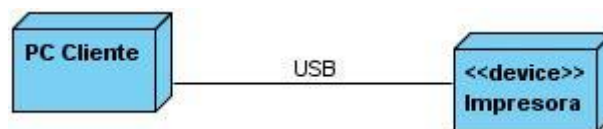


Ilustración 36. Diagrama de despliegue de la aplicación.

### 3.7 Conclusiones del Capítulo.

En el capítulo se trataron los principales elementos de diseño para el desarrollo de la aplicación. Se argumentaron y ejemplificaron los patrones de arquitectura y diseño utilizados, quedaron representados los diagramas de clases correspondientes para cada caso de uso del sistema al igual que los diagramas de secuencia. Para una mejor comprensión de las clases del diseño se describieron las principales que son las responsables de modelar la forma en que fue implementada la aplicación. Se definió el diagrama de despliegue de la aplicación.

## CAPÍTULO 4: IMPLEMENTACIÓN DEL SISTEMA

En el presente capítulo se desarrolla el modelo de implementación. Se realiza la representación de los diagramas de componentes de la aplicación. Además se muestran fragmentos de código con los principales métodos implementados así como se explica la forma en que fue validada la aplicación.

### 4.1 DIAGRAMA DE COMPONENTES

Un diagrama de componentes muestra las organizaciones y dependencias lógicas entre componentes software, sean éstos componentes de código fuente, binarios o ejecutables. Desde el punto de vista del diagrama de componentes se tienen en consideración los requisitos relacionados con la facilidad de desarrollo, la gestión del software, la reutilización, y las restricciones impuestas por los lenguajes de programación y las herramientas utilizadas en el desarrollo. A continuación se muestra el diagrama de componentes de algunos de los principales casos de uso de la aplicación. .

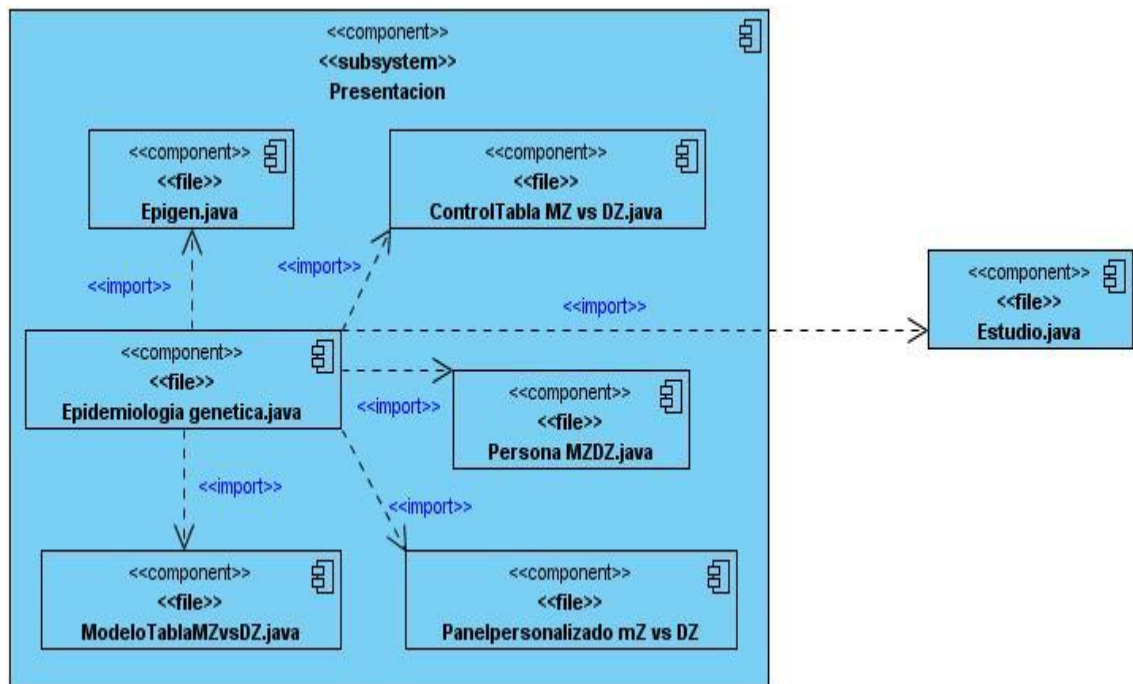


Ilustración 37. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio de gemelo monocigótico frente a dicigótico.

## Capítulo 4: Implementación del sistema

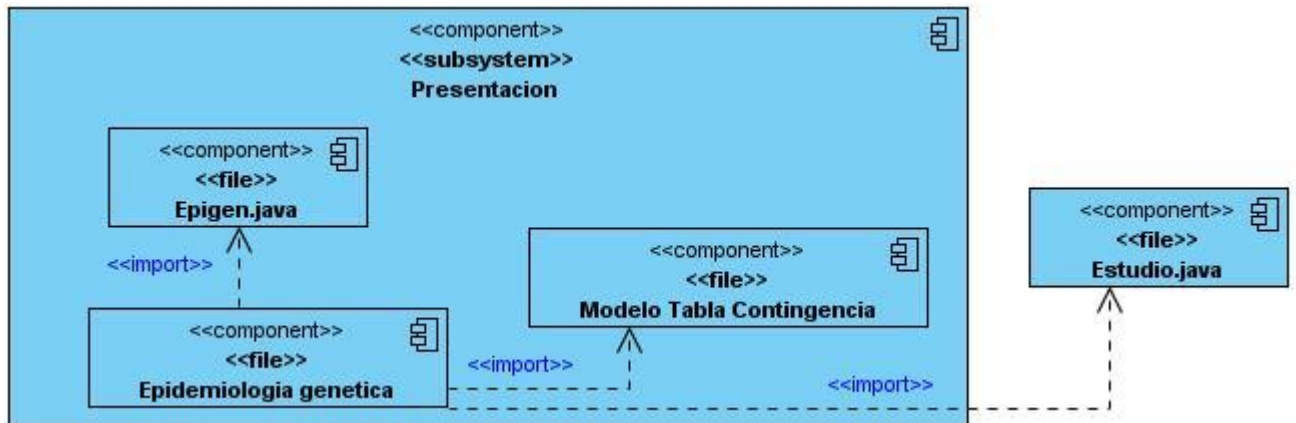


Ilustración 38. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio de familiares.

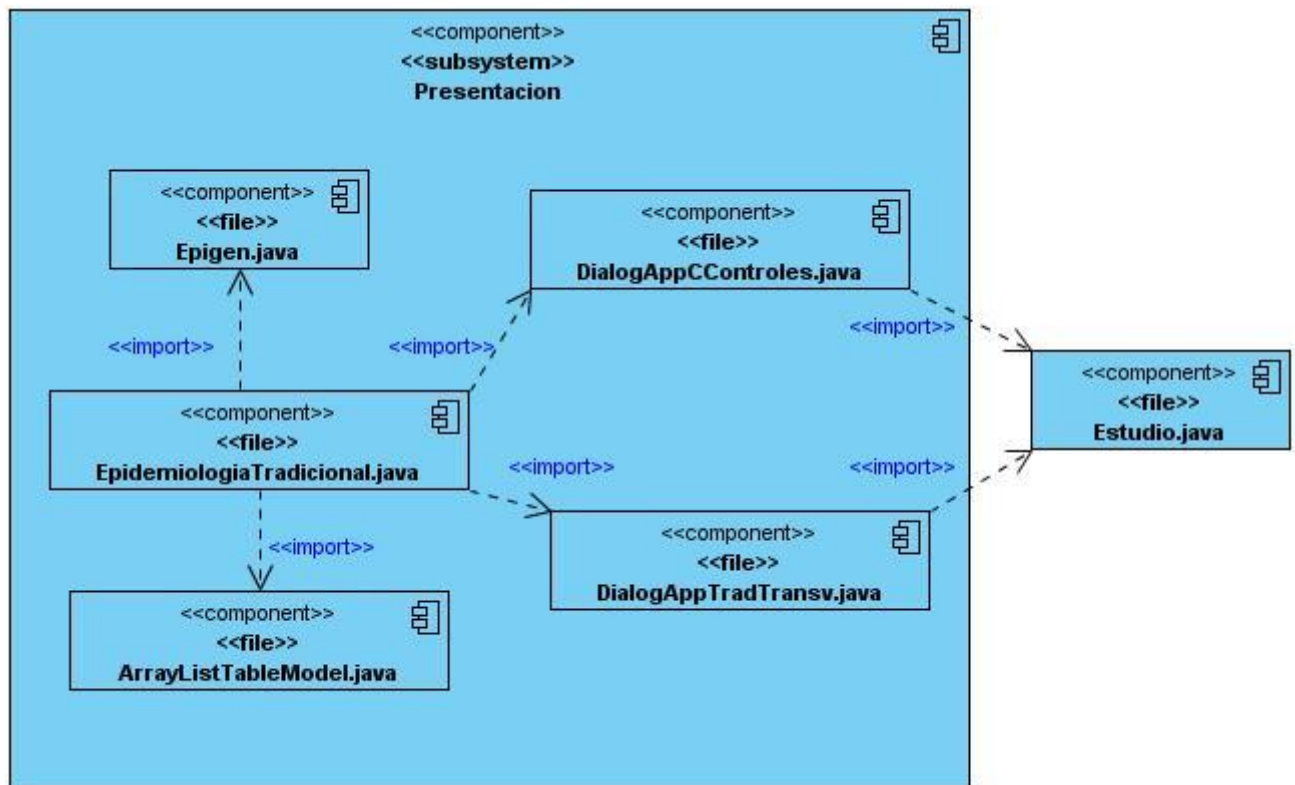


Ilustración 39. Diagrama de componentes de CU: Crear estudio general de epidemiologia tradicional.

# Capítulo 4: Implementación del sistema

## 4.2 FRAGMENTOS DE CÓDIGO FUENTE

En esta sección se exponen los fragmentos de códigos críticos en el desarrollo de la aplicación que responden a diferentes funcionalidades evidenciadas en los requerimientos funcionales.

Uno de los métodos fundamentales para dar cumplimiento a la realización de los cálculos es el del cálculo del estadígrafo de Mantel Haenzel.

```
public double chiMantelHaenzel(){
    double calculo=0;
    int NI= c1+d1;
    int NO= a1+b1;
    int MO=a1+c1;
    int MI=b1+d1;
    int N= NI+NO;
    if(NI==0||NO==0||MO==0||MI==0 ){
        JOptionPane.showMessageDialog(new JFrame(),".:División por cero:");
    }
    else{
        double num=(a1*b1)-(b1*c1);
        calculo=((Math.pow(num, 2))* N-1)/(NI*NO*MI*MO);
    }
    return calculo;
}
```

Siguiendo esta misma filosofía, se implementaron los restantes estadígrafos y análisis estadísticos. Para poder realizar estos cálculos se debe procesar la tabla de recolección de datos y obtener los valores que son necesarios. Las dos funciones principales que permiten procesar los datos introducidos por los usuarios en la tabla son:

```
public void get_Total_Familiares_Afectados(){
    int filas= modelo.getRowCount();
    for(int i=0; i< filas;i++){
        Object valor=modelo.getValueAt(i,2);
        String verifica1= valor.toString();
        Object value= modelo.getValueAt(i,4);
    }
}
```



## Capítulo 4: Implementación del sistema

```
String num=value.toString();
if(verifica1=="false")
    total_fami_afectados_personas_sanas+= Integer.parseInt(num);
else
    total_fami_afectados_personas_enfermos+=Integer.parseInt(num);
}
}

public void get_TotalFamiliares_Personas(){
    int filas= modelo.getRowCount();
    for(int i=0; i< filas;i++){
        Object valor=modelo.getValueAt(i,2);
        String verifica1= valor.toString();
        Object value= modelo.getValueAt(i,3);
        String num=value.toString();
        if(verifica1=="true")
            totalfam_enfer+= Integer.parseInt(num);
        else
            totalfam_noenfermos+= Integer.parseInt(num);
    }
}
```

La finalidad de estos métodos es realizar un conteo y diferenciación de los valores en la tabla los cuales son enviados a la clase Estudio para poder llevar a cabo cada uno de los cálculos.

Otras de las funcionalidades fundamentales es el de poder guardar un estudio. Para ello se utilizó una potente librería java (XStream) que permite serializar cada clase como colección de objetos embebidos en un lenguaje de marcas (XML), lo cual facilita el trabajo al momento de cargar el fichero salvado en la extensión establecida (.epg). A continuación se muestra el fragmento de código que da respuesta a lo anterior:

```
JFileChooser fileChooser=new JFileChooser();
fileChooser.setBounds(10, 10, 582,397);
```

## Capítulo 4: Implementación del sistema

```
int seleccion=fileChooser.showSaveDialog(new JFrame());
if(seleccion==JFileChooser.APPROVE_OPTION)
{
    String directorio=fileChooser.getSelectedFile().getPath();
    XStream xstream = new XStream();
    xstream.alias("modelotabla", ModeloTablaCCGenetica.class);
    xstream.alias("tablacontingencia", ModeloTablaContingencia.class);
    FileOutputStream file = null;
    try {
        file = new FileOutputStream(directorio+".epg");
    }
    catch (FileNotFoundException e1) {
        e1.printStackTrace();
    }
    ModeloTablaCCGenetica modelo= new ModeloTablaCCGenetica();
    xstream.toXML(modelo, file);
    try {
        file.close();
    }
    catch (IOException e1) {
        e1.printStackTrace();
    }
}
```

### 4.3 VALIDACIÓN DE LA APLICACIÓN A NIVEL DE DESARROLLADOR

En el desarrollo de software se requiere gran esfuerzo mental por parte de los desarrolladores, por lo que la posibilidad de cometer errores es muy alta. No se puede asegurar que un producto es ciento por ciento fiable ni que cumplirán al máximo con las expectativas de los clientes. El método con el que se cuenta para garantizar la calidad y el buen funcionamiento de un producto es la realización de pruebas. Las pruebas no confirman la ausencia de errores en un software, solo brindan una medida de cómo responderá el mismo ante algunas situaciones determinadas.

## Capítulo 4: Implementación del sistema

Los principales casos de pruebas realizados a la aplicación fueron sobre los distintos tipos de análisis estadísticos y sobre el procesamiento de los datos requeridos para realizar dichos cálculos. La estadística es una ciencia con base matemática referente a la recolección, análisis e interpretación de datos, que busca explicar condiciones regulares en fenómenos. Todos los análisis parten de una investigación y esto conlleva a un instrumento de recolección de datos, el cual una vez llenado se procesa y se interpretan con el fin de realizar dichos cálculos.

Los principales análisis que se realizan en la aplicación responden a las dos principales ramas de la estadística según la entrada de los datos:

- La estadística descriptiva, que se dedica a los métodos de recolección, descripción, visualización y resumen de datos originados a partir de los fenómenos en estudio. Los datos son resumidos numéricamente. Ejemplos básicos de parámetros estadísticos son: la media, moda, varianza, coeficiente de variación y la desviación estándar.
- La inferencia estadística, que se dedica a la generación de los modelos, inferencias y predicciones asociadas a los fenómenos en cuestión teniendo en cuenta la aleatoriedad de las observaciones. Se usa para modelar patrones en los datos y extraer inferencias acerca de la población bajo estudio. Estas inferencias pueden tomar la forma de respuestas a preguntas si/no (prueba de hipótesis), estimaciones de características numéricas (estimación), pronósticos de futuras observaciones, descripciones de asociación (correlación).

Con el objetivo de comprobar el correcto funcionamiento del sistema y que exista una adecuada concordancia en la entrada de los datos y en la generación de los resultados, se realizaron algunas pruebas a nivel de desarrollador, que a continuación se muestran:

### **Validación en la configuración del estudio**

Inicialmente cuando el usuario desea crear un estudio, debe realizar algunas configuraciones necesarias. Para ello debe llenar algunos campos obligatorios como el título del estudio, el autor y la categoría del estudio. No introducir alguno de ellos el sistema muestra mensajes indicando que campo falta y hasta que no se introduzcan todos no se puede continuar. (Ver Ilustración. 41)

## Capítulo 4: Implementación del sistema



**Ilustración 40. Validación en los campos de creación del estudio**

### Validación en el instrumento de recolección de datos

Inicialmente el genetista selecciona la opción de Crear estudio de total de familiares y se muestra una interfaz que contiene la hoja de recolección de datos la cual tiene los campos que se debe llenar (Ver Ilustración.42). En los campos que pertenecen a una variable cuantitativa el genetista debe indicar un número. Cuando el genetista está llenado la hoja de recolección de datos, si introduce un número en una celda que corresponde a una variable cuantitativa, el sistema permite seguir llenando los campos restantes en la tabla, en caso contrario, señala el error en tiempo de ejecución y no permite llenar los campos restantes hasta que se corrija el error. (Ver Ilustración. 43)

Total de familiares					
Número	Nombres y Apellidos	Enfermo	Total de familiares	Total de familiares afect...	
0	Carlos González	<input checked="" type="checkbox"/>	9	2	
1	Evelio Estrada	<input type="checkbox"/>	8	1	
2	Ramón Vargas	<input type="checkbox"/>	12	2	
3	María Reyes	<input type="checkbox"/>	8	3	
4	Antonio Rodríguez	<input checked="" type="checkbox"/>	6	1	
5	Estela María	<input type="checkbox"/>	11	4	
6	Alfredo Morales	<input type="checkbox"/>	9	2	
7	Barbara Crespo	<input checked="" type="checkbox"/>	9	3	
8	Isidro Crespo	<input type="checkbox"/>	7	4	
9	Caridad de las Mercedes	<input checked="" type="checkbox"/>	9	1	
10	Milagros Rodríguez	<input checked="" type="checkbox"/>	9	2	
11	Yanet Fajardo	<input type="checkbox"/>	8	3	

**Ilustración 41. Instrumento de recolección de datos.**

## Capítulo 4: Implementación del sistema

Total de familiares				
Número	Nombres y Apellidos	Enfermo	Total de familiares	Total de familiares afect...
0	Carlos González	<input checked="" type="checkbox"/>	9	2
1	Evelio Estrada	<input type="checkbox"/>	8	1
2	Ramón Vargas	<input type="checkbox"/>	12	2
3	María Reyes	<input type="checkbox"/>	8	3
4	Antonio Rodríguez	<input checked="" type="checkbox"/>	6	1
5	Estela María	<input type="checkbox"/>	11	4
6	Alfredo Morales	<input type="checkbox"/>	ihqjghhg	2
7	Barbara Crespo	<input checked="" type="checkbox"/>	9	3
8	Isidro Crespo	<input type="checkbox"/>	7	4
9	Caridad de las Mercedes	<input checked="" type="checkbox"/>	9	1
10	Milagros Rodríguez	<input checked="" type="checkbox"/>	9	2
11	Yanet Fajardo	<input type="checkbox"/>	8	3

Ilustración 42. Validación en el instrumento de recolección de datos.

Para dar cumplimiento a esta funcionalidad se diseñó la clase ModeloTabla que permite examinar cada variable como estructura de dato. El código que se muestra a continuación está presente en dicha clase y permite parsear cada columna o variable como un tipo de dato específico y así validar los datos de entrada.

```
public Class getColumnClass(int columnIndex) {  
    // Devuelve la clase que hay en cada columna.  
    switch (columnIndex)  
    {  
        case 0:  
            return Integer.class;  
        case 1:  
  
            return String.class;  
        case 2:  
  
            return String.class;  
        case 3:  
  
            return Boolean.class;  
        default:  
            // Devuelve una clase Object por defecto.  
            return Object.class;  
    }  
}
```

## Capítulo 4: Implementación del sistema

### Obtener resultados de estudio de total de familiares

Cuando el genetista introduce todos los datos en el instrumento, puede calcular los valores de cada uno de los estadígrafos correspondientes a cada tipo de estudio. En este caso perteneciente al caso de uso Crear estudio de total de familiares, cuando el usuario decide realizar el análisis el sistema muestra todos los resultados del estudio y cada valor del estadígrafo calculado así como la tabla de contingencia con todos los porcentajes marginales.

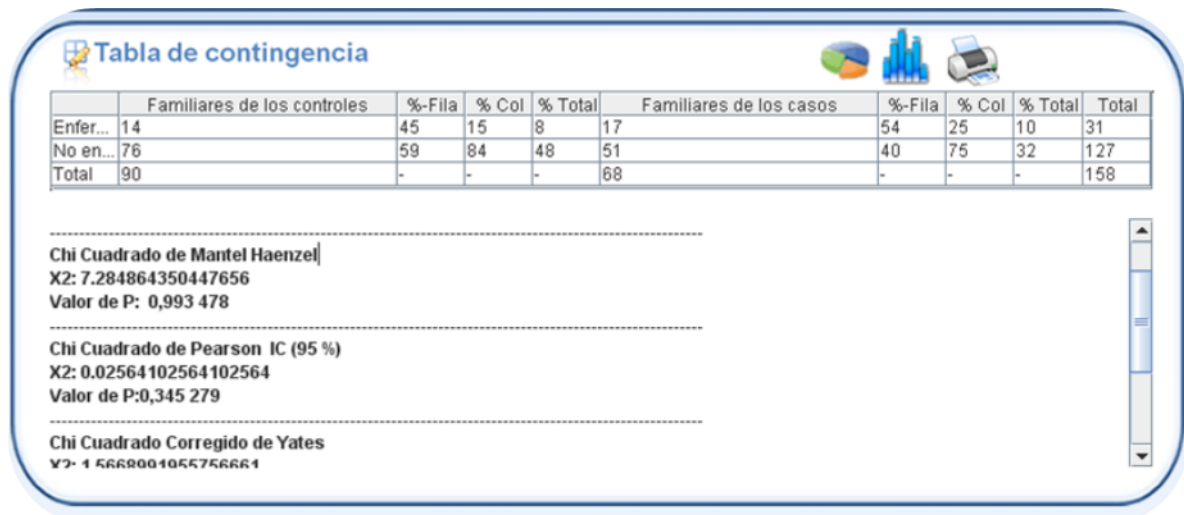
Para esta validación se ingresaron 12 casos en la hoja de recolección de datos (Ver Ilustración.44) y se procesan los datos de las columnas “Enfermos”, “Total de familiares” y “Total de familiares afectados” de manera que en la tabla de contingencia los datos que se muestran son los correctos.(Ver Ilustración.45), y a partir de esos datos se realizan los cálculos de los estadígrafos, los cuales se calcularon manualmente utilizando las fórmulas matemáticas para ello y todos los resultados fueron correctos.



Número	Nombres y Apellidos	Enfermo	Total de familiares	Total de familiares afecta...
0	Carlos González	<input checked="" type="checkbox"/>	15	4
1	Ramon Zalazar	<input type="checkbox"/>	14	3
2	Margarita Rosales	<input checked="" type="checkbox"/>	13	5
3	Antono Pérez	<input type="checkbox"/>	12	2
4	Lucio Muñoz	<input type="checkbox"/>	15	3
5	Jose Luis Jerez	<input type="checkbox"/>	9	1
6	Maria de la Caridad	<input checked="" type="checkbox"/>	13	5
7	Evelio Estrada	<input type="checkbox"/>	11	0
8	Juan Antonio Ruiz	<input checked="" type="checkbox"/>	10	2
9	Jorge Mario Mederos	<input type="checkbox"/>	16	3
10	Ana Maria	<input checked="" type="checkbox"/>	17	1
11	Pedro Montalvo	<input type="checkbox"/>	13	2

Ilustración 43.Obtener resultados de estudio de total de familiares

## Capítulo 4: Implementación del sistema



**Ilustración 44. Obtener resultados de estudio de total de familiares**

### Obtener resultados de estudio general de epidemiología tradicional

Este caso está dentro del caso de uso Crear estudio general de Epidemiología Tradicional. Una vez que todos los datos fueron introducidos el usuario debe escoger la variable a analizar. Si selecciona una variable cuantitativa se muestra una tabla de resultados y los valores de estadística descriptiva (Ver Ilustración.46). Para este caso se selecciona la variable continua “Edad” de la cual solo se arrojan los resultados de la estadística descriptiva (Moda, Media, Mediana, Varianza, Desviación Típica y Coeficiente de Variación).

Si selecciona una variable cualitativa, que en este caso se selecciona la variable dicotómica “Fuma”, el sistema muestra la tabla de contingencia con todos los porcentos marginales y los resultados de los estadígrafos correspondientes. (Ver Ilustración.47).

Todos estos valores fueron calculados manualmente para ambos casos y los resultados obtenidos se corresponden con los arrojados por el sistema.

## Capítulo 4: Implementación del sistema

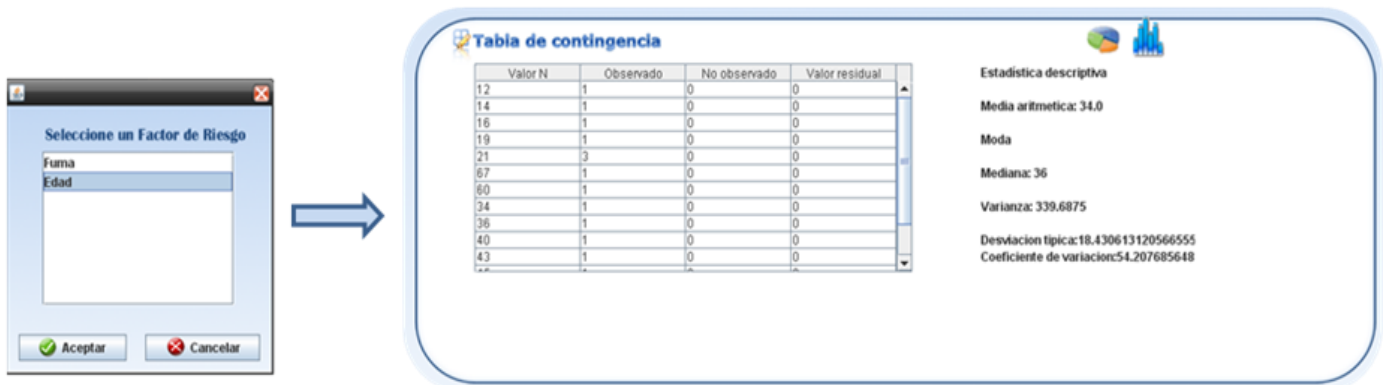


Ilustración 45. Obtener resultados de estudio de total de familiares. Variable cuantitativa

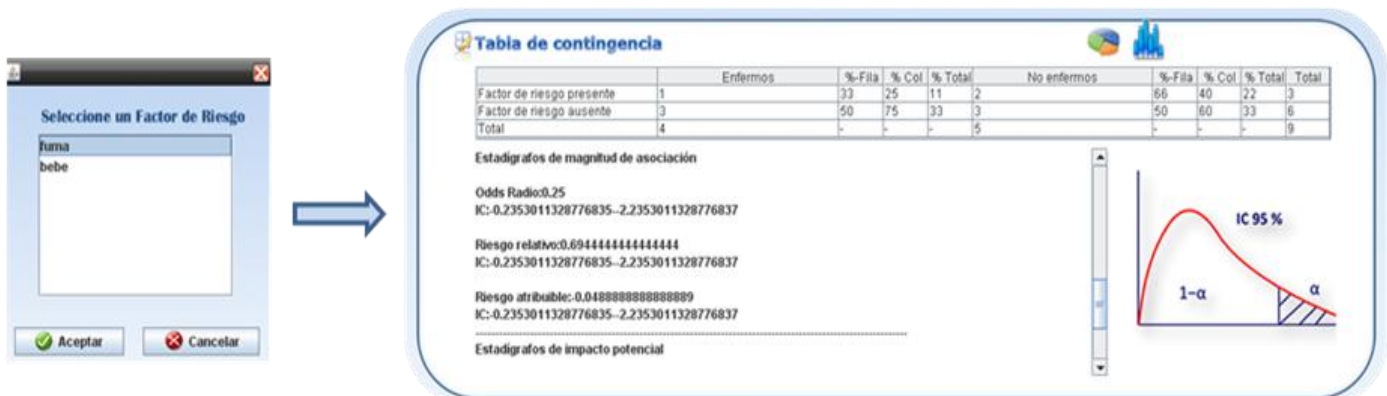


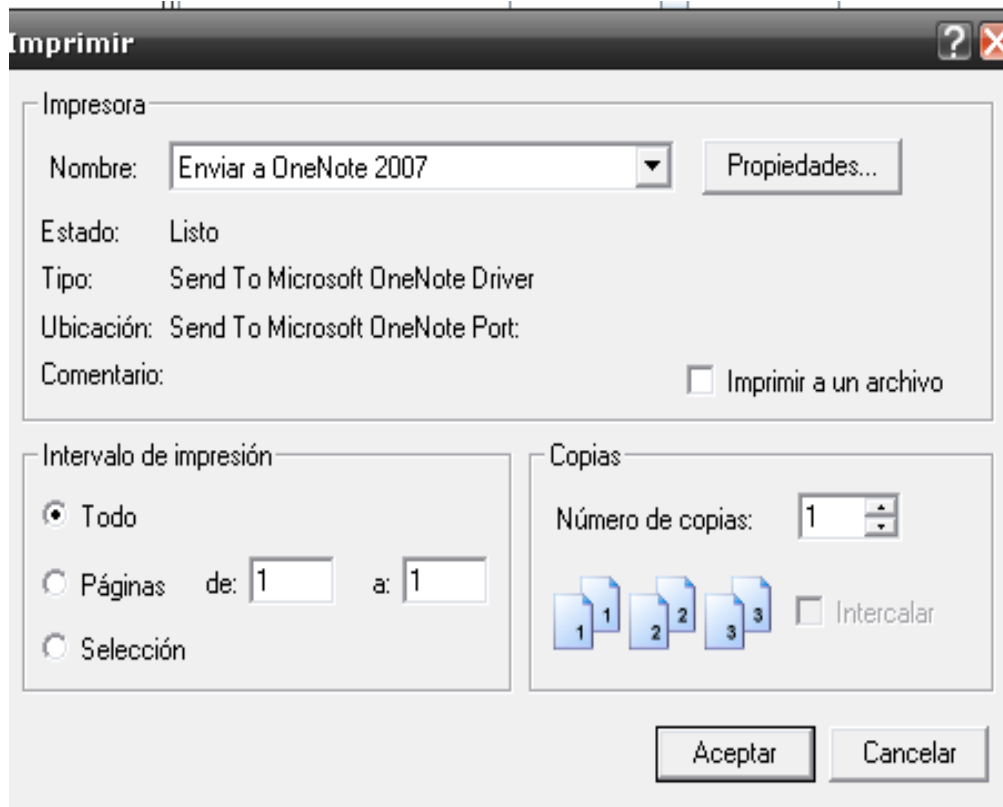
Ilustración 46. Obtener resultados de estudio de total de familiares. Variable cualitativa

### Imprimir los resultados

Cuando el usuario desea imprimir los resultados del estudio el sistema muestra una interfaz donde se puede hacer una serie de configuraciones. (Ver Ilustración.48). Si cancela la impresión, el sistema muestra un mensaje indicando que la impresión ha sido cancelada. (Ver Ilustración. 49).



## Capítulo 4: Implementación del sistema



**Ilustración 47. Imprimir los resultados**



**Ilustración 48. Cancelar impresión**

# Capítulo 4: Implementación del sistema

## 4.4 PANTALLAS DE LA APLICACIÓN

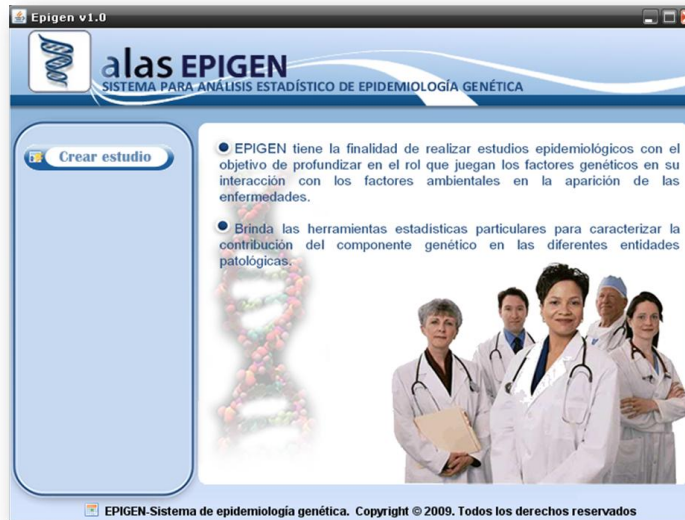


Ilustración 49. Interfaz principal de la aplicación

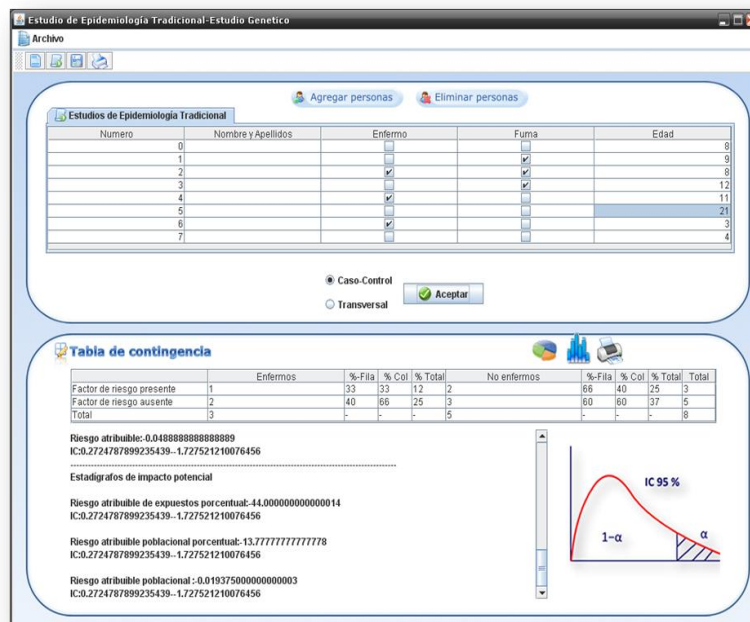


Ilustración 50. Interfaz estudio Epidemiología Tradicional

# Capítulo 4: Implementación del sistema

## ***4.5 Conclusiones del capítulo***

Mediante la realización del presente capítulo se describió como fue implementada la aplicación en términos de componentes de cada uno de los casos de uso del sistema, los cuales están basados en las definiciones realizadas durante el diseño. Además se brindó una breve descripción de los principales métodos implementados. Se mostraron algunas de las interfaces de la aplicación y se expusieron ejemplos de las validaciones realizadas a nivel de desarrollador, las cuales permitieron detectar y solucionar los errores identificados.

## **CONCLUSIONES**

La correcta especificación de los requisitos de la aplicación permitió realizar el diseño de todas las clases mediante la utilización de patrones de diseño, lo que proporcionó una correcta implementación de la misma.

Desde el punto de vista social se podrán poner en práctica estrategias de prevención para modificar estilos de vidas inadecuados involucrados en las enfermedades que más afectan la morbimortalidad en la población cubana, a partir del conocimiento del rol que juegan los factores genéticos y no genéticos en la aparición de estos desórdenes, generados por los análisis estadísticos del software EPIGEN.

## **RECOMENDACIONES**

Al término de la presente investigación se recomienda añadir las funcionalidades correspondientes a los estudios de genética poblacional los cuales se ocuparían de predecir las consecuencias que entrañan la estructura de la población, y los fenómenos de selección y mutación para los fenotipos constitucionales y las enfermedades.

Al no existir en el mundo otro software que agrupe todas las funcionalidades que contiene este dentro de la rama de la Epidemiología Genética cabe valorar la posibilidad de comercializarlo lo cual sería un aporte económico importante para el país.

Se recomienda además que como los estudios que se realizan se pueden salvar, pues para una próxima versión de la aplicación se le agregue la funcionalidad de cargar un estudio realizado.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOOCH, G. R., J JACOBSON, I. *El Lenguaje Unificado de Modelado*. 2000. 197-213 p

CAMACHO, E., CARDESO, FABIO AND NUÑEZ, GABRIEL. *Arquitecturas de Software. Guías de Estudio*, 2004. [Disponible en: <http://prof.usb.ve/lmendoza/Documentos/PS-6116/Guia%20Arquitectura%20v.2.pdf>

CNGM Sitio web Genética Médica, 2009.

COLLINS-SUSSMAN, B., FITZPATRICK, BRIAN, MICHAEL PILATO, C. *Version Control with Subversion*, 2008. [Disponible en: <http://svnbook.red-bean.com/nightly/en/svn-book.pdf>

FOUNDATION, F. S. *GNU/General Public Licence*, 2006. [Disponible en: <http://www.fsf.org/>

H. CANÓS, J. L., PATRICIO; PENADÉ, CARMEN. *Metodologías Ágiles en el Desarrollo de Software*, 2006.

INFORMATICA, I. N. D. E. E. *Herramientas Case*, 1999. [Disponible en: <http://informatica.gonzalonazareno.org/file.php/8/case.pdf>

JACOBSON, I., BOOCH, GRADY Y RUMBAUGH, JAMES. *El Proceso Unificado de Desarrollo de Software*. 2000. p.

LAGO, R. *Patrones de diseño software*, 2007. [Disponible en: [http://www.proactiva-calidad.com/java/patrones/index.html#algunos\\_patrones](http://www.proactiva-calidad.com/java/patrones/index.html#algunos_patrones).

LAGOS TORRES, M. *Introducción al diseño con patrones*. Disponible en: <http://www.elrincondelprogramador.com/default.asp?id=29&pag=articulos/leer.asp>.

*Metodologías de Desarrollo de Software*. 2007. [Disponible en: <http://epcc.unex.es/modules.php?op=modload&name=Downloads&file=index&req=descargar&lid=5180>

# Referencias Bibliográficas

Microsoft Solutions Framework. 2006. [Disponible en: <http://www.gpicr.com/msf.aspx>

MONTEJANO, G. *Metodologías de desarrollo de software ágiles*. 2006. p.

MOUSQUÉS, G. *Desarrollo Ágil de Software*, 2004.

TELEFORMACION. *Conferencia 4 flujo trabajo de Requerimientos*, 2008-2009. [Disponible en: <http://teleformacion.uci.cu/mod/resource/view.php?id=12103>

*Patrones de diseño*. 2001. [Disponible en: <http://mit.ocw.universia.net/6.170/6.170/f01/pdf/lecture-12.pdf>

PSPP. 2008. [Disponible en: <http://www.gnu.org/software/pspp/pspp.html>

ROBLES, G. Y. F., JORGE. *Programación extrema y Software Libre*, 2002.

VALENCIA, U. P. D. *Rational Unified Process*, 2005.

VISCONTI, M. A. A., HERNÁN. *Fundamentos de Ingeniería de Software, Patrones de Diseño*. Disponible en: <http://www.inf.utfsm.cl/~visconti/ili236/Documentos/08-Patrones.pdf>

## BIBLIOGRAFÍA

BOOCH, G. R., J JACOBSON, I. *El Lenguaje Unificado de Modelado*. 2000. 197-213 p

CAMACHO, E., CARDESO, FABIO AND NUÑEZ, GABRIEL. *Arquitecturas de Software. Guías de Estudio*, 2004. [Disponible en: <http://prof.usb.ve/lmendoza/Documentos/PS-6116/Guia%20Arquitectura%20v.2.pdf>

CASTIGLIA, A. *Buenas prácticas de la programación en Java*. 2007.

COLLINS-SUSSMAN, B., FITZPATRICK, BRIAN, MICHAEL PILATO, C. *Version Control with Subversion*, 2008. [Disponible en: <http://svnbook.red-bean.com/nightly/en/svn-book.pdf>

COOPER, J. W. *The Design Patterns Java Companion*. 1998.

H. CANÓS, J. L., PATRICIO; PENADÉ, CARMEN. *Metodologías Ágiles en el Desarrollo de Software*, 2006.

JACOBSON, I., BOOCH, GRADY Y RUMBAUGH, JAMES. *El Proceso Unificado de Desarrollo de Software*. 2000. p.

LAGO, R. *Patrones de diseño software*, 2007. [Disponible en: [http://www.proactiva-calidad.com/java/patrones/index.html#algunos\\_patrones](http://www.proactiva-calidad.com/java/patrones/index.html#algunos_patrones).

LAGOS TORRES, M. *Introducción al diseño con patrones*. Disponible en: <http://www.elrincondelprogramador.com/default.asp?id=29&pag=articulos/leer.asp>.

WYSZYNSKI, D. F. *La epidemiología genética: disciplina científica en expansión*, 1998. [Disponible en: <http://www.scielosp.org/pdf/rpsp/v3n1/3n1a5.pdf>



ANEXOS

**ANEXO 1. DESCRIPCIÓN AMPLIADA DE LOS CASOS DE USO DEL SISTEMA.**

<b>CU-1</b>	<b>Crear estudio de Epidemiología Genética</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de Epidemiología Genética.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética. Introduce los datos correspondientes. El caso de uso finaliza cuando se selecciona algún estudio específico de Epidemiología Genética.	
<b>Referencias</b>	RF 1.1	
<b>Precondiciones</b>	-----	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1. El genetista desea crear un estudio de Epidemiología genética.	2. El sistema le muestra la opción: Crear estudio.	
3. El genetista accede a la opción Crear estudio.	4. El sistema le muestra una interfaz con varios campos a llenar: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Título</li> <li>• Autor</li> <li>• Categoría</li> </ul>	
5. El genetista inserta los datos y	6. El sistema muestra una nueva interfaz para	

<p>selecciona la categoría Epidemiología Genética.</p>	<p>acceder a los diferentes tipos de estudios de Epidemiología Genética.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Estudio de Agregación Familiar</li> <li>• Estudio clásico en gemelos</li> <li>• Estudio de asociación alélica.</li> </ul>
<p>7. El genetista selecciona la opción que desea realizar:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Si selecciona casos y controles: Total familiares (ver CU Crear estudio de total de familiares).</li> <li>• Si selecciona casos y controles y quiere realizar un estudio de Hermanos, Hijos, Madres, Padres, Progenitores, Tíos, Sobrinos, Hermanastros, Abuelos, Nietos o Bisabuelos (ver CU Crear estudio de familiares).</li> <li>• Si selecciona casos población (ver CU Crear estudio de casos población)</li> <li>• Si selecciona casos particulares y quiere realizar un estudio de gemelos MZ vs DZ (ver CU Crear estudio de gemelos MZ vs DZ)</li> <li>• Si selecciona casos</li> </ul>	

<p>particulares y quiere realizar un estudio de gemelos DZ vs HC (ver CU Crear estudio de gemelos DZ vs HC).</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Si selecciona casos particulares y quiere realizar un estudio de primos hermanos o conjugues (ver CU Crear estudio de familiares).</li><li>• Si selecciona estudios clásicos en gemelos (ver CU Crear estudio clásicos en gemelos).</li><li>• Si selecciona estudio de asociación alélica (ver CU Crear estudio de asociación alélica).</li></ul>	
<b>Prototipo de interfaz.</b>	



<b>Flujo Alterno</b>	
<b>Acciones del actor</b>	<b>Respuesta del sistema.</b>
5.1 El genetista no introduce los datos necesarios.	6.1 El sistema le muestra un mensaje de que debe introducir los datos en dependencia del que haya dejado de introducir.
7.1 El genetista selecciona la opción cancelar.	8.1 El sistema retorna a la interfaz principal de la aplicación.
<b>Poscondiciones</b>	Queda seleccionado el estudio específico de Epidemiología Genética.

<b>CU-2</b>	<b>Crear estudio de Epidemiología Tradicional.</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de Epidemiología Tradicional.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Tradicional. Introduce los datos correspondientes. El caso de uso finaliza cuando se selecciona algún estudio específico de Epidemiología Tradicional.	
<b>Referencias</b>	RF 2.1	
<b>Precondiciones</b>	-----	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1. El genetista desea crear un estudio de Epidemiología Tradicional.	2. El sistema le muestra la opción: Crear estudio.	
3. El genetista accede a la opción Crear estudio.	4. El sistema le muestra una interfaz con varios campos a llenar: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Título</li> <li>• Autor</li> <li>• Categoría</li> </ul>	
5. El genetista inserta los datos y selecciona la categoría Epidemiología Tradicional.	6. El sistema muestra una nueva interfaz para insertar la cantidad de variables que contiene el estudio.	

<p>7. El genetista inserta la cantidad de variables y selecciona la opción siguiente.</p>	<p>8. El sistema muestra una interfaz con la cantidad de variables que se hayan insertado para poner su nombre y el campo correspondiente para seleccionar el tipo de valor que es.</p>
<p>9. El genetista selecciona la opción Aceptar.</p>	<p>10. El sistema muestra una nueva interfaz para acceder a los diferentes tipos de estudios de Epidemiología Tradicional.</p>
<p>11. El genetista selecciona la opción que desea realizar.</p>	

### Prototipo de interfaz.

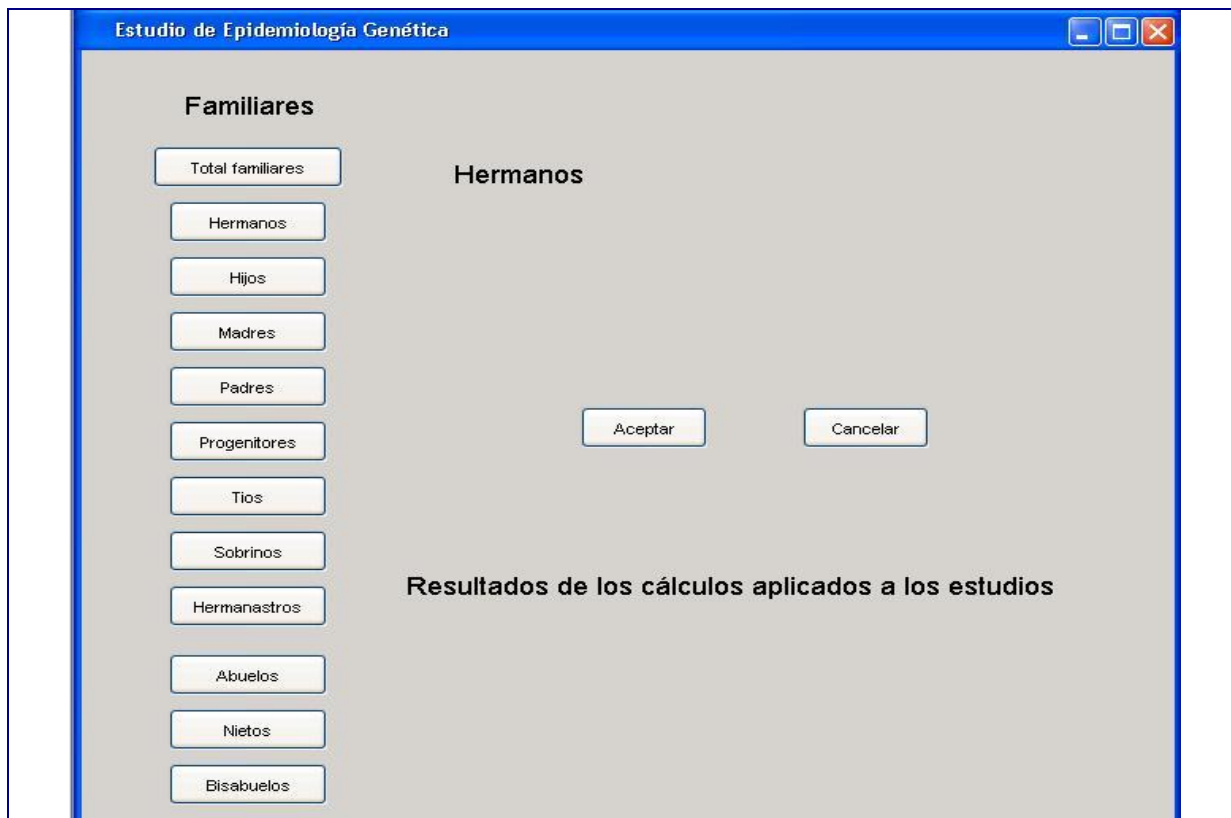
The image shows a software window titled "Epígen v1.0". Inside the window, there is a button labeled "Crear estudio" on the left. To the right, there are several input fields: "Titulo" (a text box), "Autor" (a text box), "Categoría" (a dropdown menu), and "Cantidad de Variables" (a text box). At the bottom of the form area, there are two buttons: "Cancelar" and "Siguiente".

<b>Flujo Alterno</b>	
<b>Acciones del actor</b>	<b>Respuesta del sistema</b>
5.1 El genetista no introduce los datos necesarios.	6.1 El sistema le muestra un mensaje de que debe introducir los datos en dependencia del que haya dejado de insertar.
7.1 El genetista selecciona la opción "Atrás".	8.1 El sistema retorna a la interfaz para crear un nuevo estudio.
<b>Poscondiciones</b>	Queda seleccionado el estudio específico de Epidemiología Genética.

<b>CU-3</b>	<b>Crear estudio de familiares.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de familiares.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un estudio de Epidemiología Genética en el caso específico familiares. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 3.1, RF 3.2, RF 3.3, CUS 1
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico
<b>Sección "General"</b>	
<b>Curso Normal de los Eventos</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>


1- El genetista desea crear un estudio de familiares.	2- El sistema muestra una interfaz con varias opciones: padres, madres, progenitores, abuelos, tíos, sobrinos, nietos, bisabuelos, hermanastros, hermanos, hijos.
3- El genetista selecciona la opción de la cual desea realizar el estudio.	4- El sistema muestra una interfaz con una tabla de contingencia para insertar los datos del estudio seleccionado.
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.
7- El genetista presiona la opción Aceptar para la obtención de los resultados.	8- El sistema muestra una interfaz con los resultados de los cálculos aplicados a los datos recogidos en la tabla de contingencia (Chi Cuadrado de Mantel Haenzel, Chi Cuadrado de Pearson, Chi Cuadrado Corregido de Yate, test exacto de Fisher) correspondientes al tipo de estudio seleccionado.
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados(Ver flujo alterno)	
<b>Prototipo de interfaz</b>	





**Flujo Alterno**

Acciones del Actor	Respuesta del Sistema
1.1 El genetista desea crear un estudio de familiares particularmente de conjugues o de primos hermanos.	2.1 El sistema muestra una interfaz con ambas opciones.
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la

de imprimir.	posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<p><b>Prototipo de interfaz</b></p> 	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio de familiares.

<b>CU- 4</b>	<b>Graficar estudio.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea graficar un estudio.

<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea graficar un estudio de cualquier tipo. El caso de uso finaliza cuando se obtiene la gráfica del estudio seleccionado.	
<b>Referencias</b>	RF 4.1, CUS 3, CUS 5, CUS 6, CUS 7, CUS 8, CUS 9, CUS 10, CUS 11.	
<b>Precondiciones</b>	Solo se puede graficar a partir de la tabla de contingencia del estudio seleccionado.	
<b>Prioridad</b>	Secundario.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1-El genetista desea graficar un estudio de cualquier tipo a partir de la tabla de contingencia de este tipo de estudio.	2- El sistema muestra la interfaz con la tabla de contingencia correspondiente al estudio seleccionado, además de los cálculos implícitos en este tipo de estudio y 2 vínculos con forma de gráfica de pastel y de histogramas.	
3- El genetista presiona el vínculo de la gráfica que desea obtener.	4- El sistema muestra la gráfica seleccionada.	
5- El genetista desea realizar cambios a la gráfica.	6- El sistema le brinda la posibilidad de realizar diferentes configuraciones sobre la gráfica y se muestran varias opciones como: propiedades, guardar como, imprimir, acercar, alejar y escala automática.	
7- El genetista selecciona una de estas opciones en dependencia de los cambios que desea realizarle a la gráfica.	8- El sistema muestra los cambios realizados.	

9-El genetista desea guardar la gráfica obtenida.	10-El sistema le brinda la opción guardar como.
11-El genetista selecciona la opción guardar como.	12- El sistema guarda la gráfica con la extensión .png
<b>Poscondiciones</b>	Se obtiene la gráfica correspondiente al tipo de estudio realizado.

<b>CU- 5</b>	<b>Crear estudio de total de familiares.</b>	
<b>Actores</b>	Genetista.	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de total de familiares.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico total de familiares. Inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 5.1, RF 5.2, RF5.3, CUS 1	
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1- El genetista desea crear un estudio de total de familiares.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio.	
3- El genetista selecciona la opción: Agregar persona y le da clic en	4- El sistema muestra una interfaz para la inserción de los datos referentes a este tipo de	

dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio y si desea eliminar alguna persona selecciona la fila en la que se encuentra y presiona la opción eliminar personas.	estudio (número, nombre y apellidos, enfermo, total de familiares, total de familiares afectados).
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.
7- El genetista presiona la opción Aceptar.	8- El sistema muestra una interfaz con la tabla de contingencia correspondiente a este tipo de estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Chi Cuadrado de Mantel Haenzel, Chi Cuadrado de Pearson, Chi Cuadrado Corregido de Yate, test exacto de Fisher) correspondientes a este tipo de estudio.
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados(Ver flujo alterno)	
<b>Prototipo de Interfaz</b>	



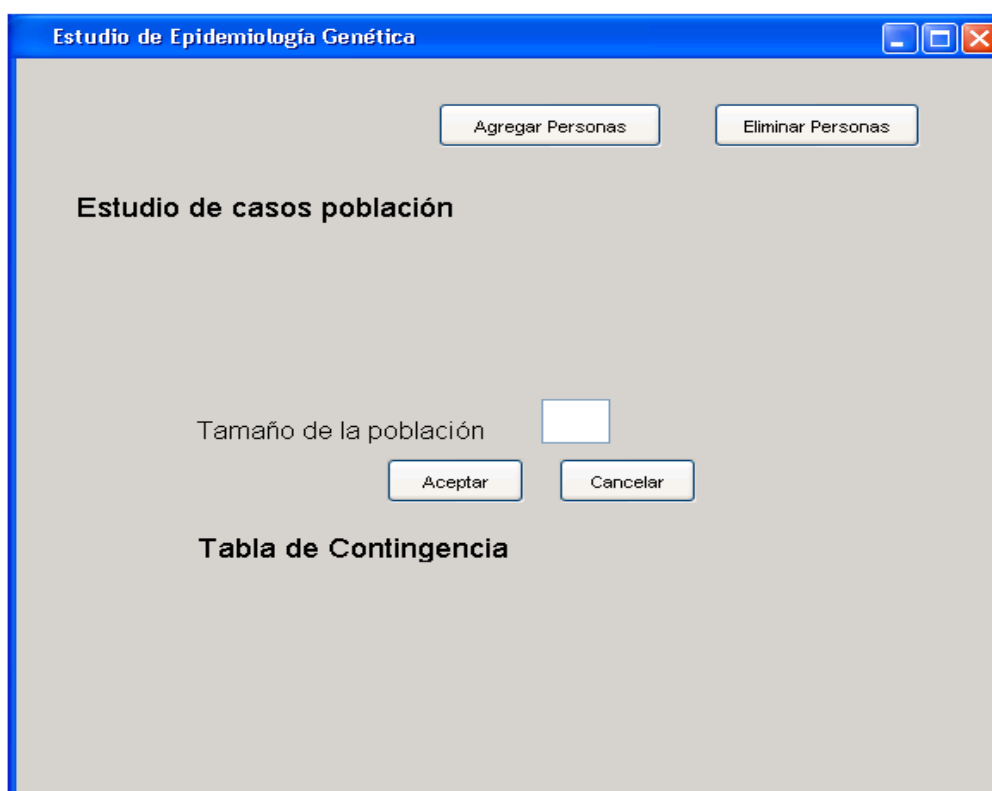
Flujo Alterno	
Acciones del actor	Respuesta del sistema.
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio para el total de familiares.

--	--

<b>CU-6</b>	<b>Crear estudio de casos población.</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de casos población.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico casos población. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 6.1, RF 6.2, RF 6.3, CUS 1	
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de casos población se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1- El genetista desea crear un estudio de casos población.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio.	
3- El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio, si desea eliminar una persona lo hace seleccionando la fila en la que se encuentra y presionando la opción:	4- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio (número, nombre y apellidos, total de familiares, total de familiares afectados) y el campo tamaño de la población para introducir el tamaño de la muestra a la que se realiza el estudio.	

eliminar personas.	
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.
7. El genetista presiona la opción Aceptar.	8- El sistema muestra una interfaz con la tabla de contingencia correspondiente a este tipo de estudio y el resultado del cálculo aplicado al mismo (Chi Cuadrado de Pearson) correspondiente a este tipo de estudio.
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados(Ver flujo alterno)	

### Prototipo de Interfaz



### Flujo Alterno



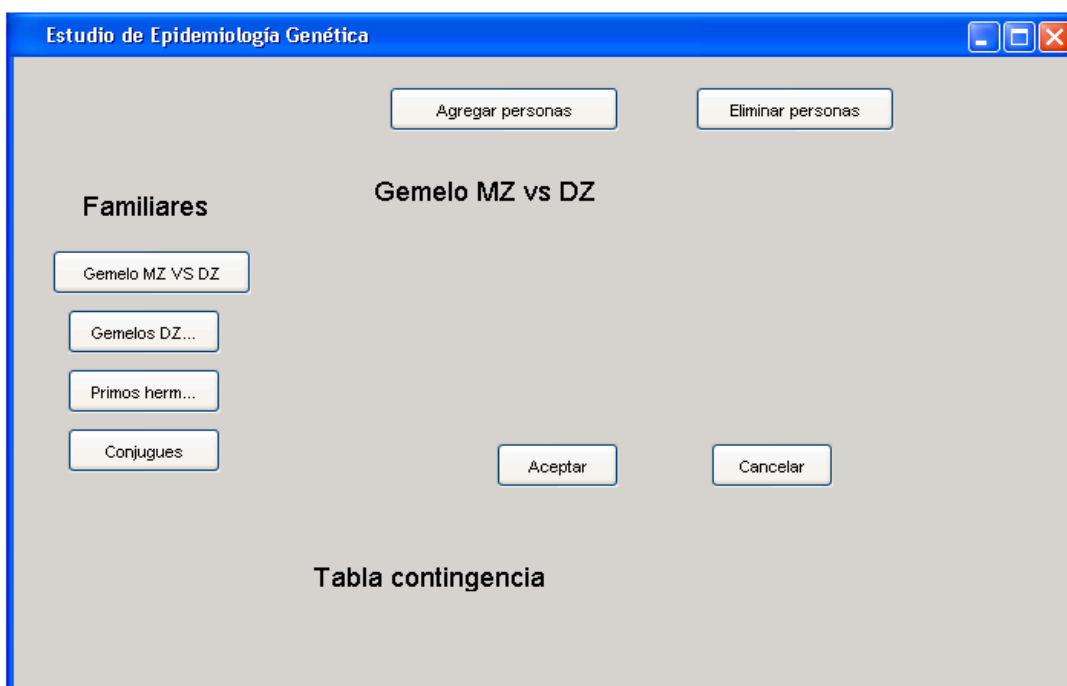
Acciones del Actor	Respuesta del Sistema
1.1 El genetista desea crear un estudio de familiares particularmente de conjugues o de primos hermanos.	2.1 El sistema muestra una interfaz con ambas opciones.
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio de casos población.

<b>CU-7</b>	<b>Crear estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.

<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico gemelos monocigóticos frente a dicigóticos. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 7.1, RF 7.2, RF 7.3, CUS 1.	
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.	
<b>Prioridad:</b>	<b>Crítico</b>	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1- El genetista desea crear un estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio.	
3- El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio, si desea eliminar una persona selecciona la fila en la que se encuentra y va a la opción eliminar persona.	4-El sistema muestra una interfaz para la inserción de los datos referentes a este tipo de estudio (número, nombre y apellidos, cigosidad, cogemelo enfermo).	
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.	
7. El genetista presiona el botón Aceptar.	8- El sistema muestra una interfaz con la tabla de contingencia correspondiente a este tipo de estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Chi Cuadrado de Mantel Haenzel, Chi Cuadrado de Pearson, Chi Cuadrado Corregido de	

	Yate, test exacto de Fisher: distribución hipergeométrica (unilateral y bilateral)) correspondientes a este tipo de estudio.
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados (Ver flujo alterno)	

**Prototipo de Interfaz**



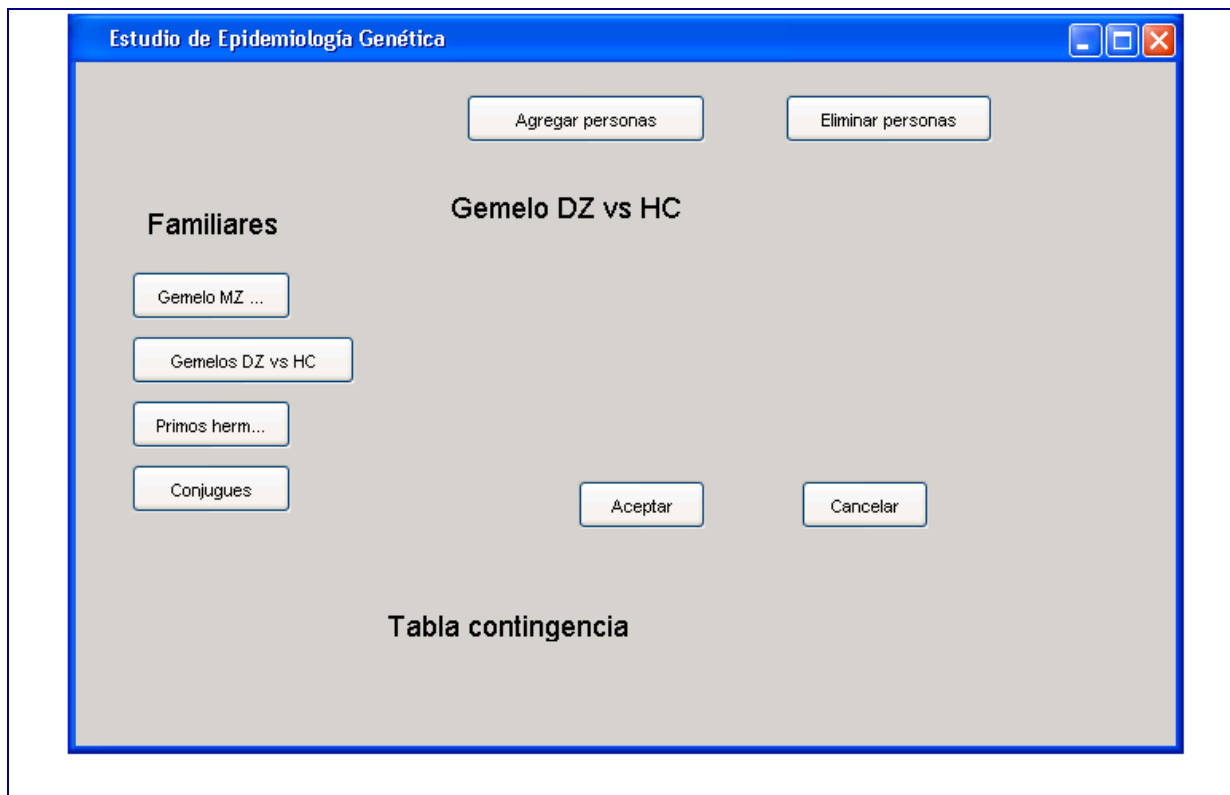
**Flujo Alterno**

Acciones del Actor	Respuesta del sistema
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la

opción de imprimir.	posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio de gemelos monocigóticos frente a dicigóticos.

<b>CU-8</b>	<b>Crear estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico gemelos dicigóticos frente a hermano carnal. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 8.1, RF 8.2, RF 8.3, CUS 1	
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1-El genetista desea crear un estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio	

<p>3-El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio, si desea eliminar una persona va a la opción eliminar persona después de haber seleccionado la fila en la que se encuentra.</p>	<p>4- El sistema muestra una interfaz para la inserción de los datos referentes a este tipo de estudio (número, nombre y apellidos, gemelo, cigosidad, cogemelo afectado, total hermanos carnales, hermanos carnales afectados).</p>
<p>5- El genetista inserta los datos necesarios.</p>	<p>6- - El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.</p>
<p>7- El genetista selecciona la opción Aceptar.</p>	<p>8- El sistema muestra una interfaz con la tabla de contingencia correspondiente a este tipo de estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Chi Cuadrado de Mantel Haenzel, Chi Cuadrado de Pearson, Chi Cuadrado Corregido de Yate, test exacto de Fisher: distribución hipergeométrica (unilateral y bilateral)) correspondientes a este tipo de estudio.</p>
<p>9-El genetista puede salvar o imprimir los resultados obtenidos (Ver flujo alterno)</p>	
<p><b>Prototipo de Interfaz</b></p>	



**Flujo Alterno**

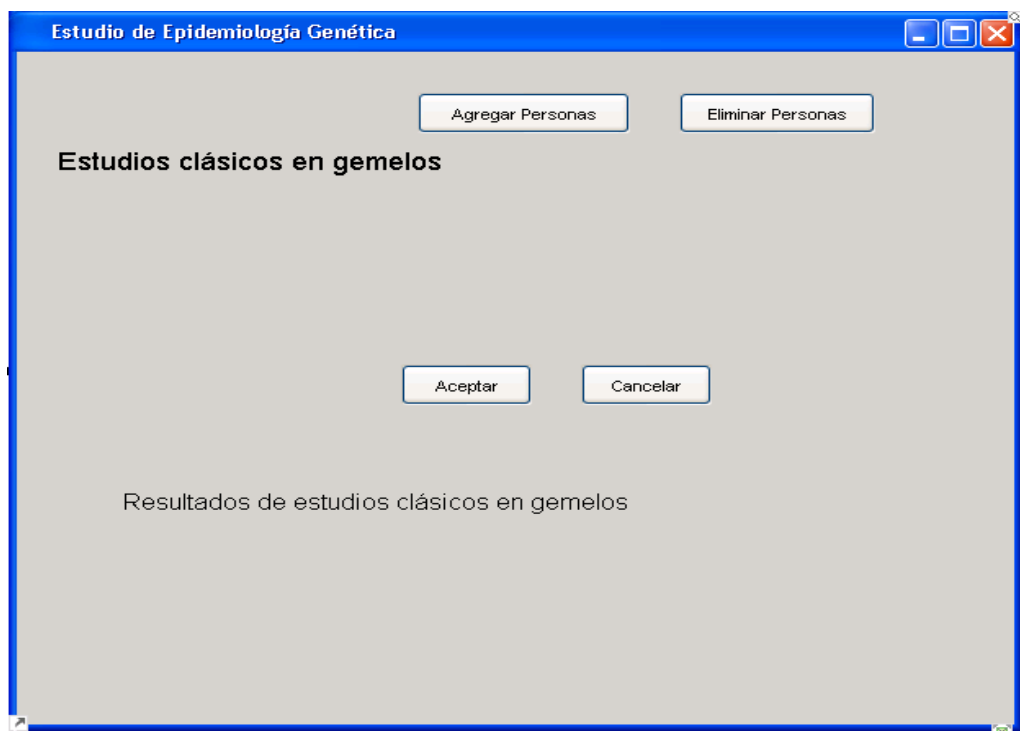
Acciones del actor	Respuesta del sistema
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	

<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio de gemelos dicigóticos frente a hermano carnal.
-----------------------	---

<b>CU-9</b>	<b>Crear estudio clásicos en gemelos</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de gemelos.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico clásicos en gemelos. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 9.1,RF 9.2, RF 9.3, CUS 1	
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.	
<b>Prioridad</b>	Crítico.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1-El genetista desea crear un estudio de clásicos en gemelos.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio.	
3- El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio, si desea eliminar alguna persona la selecciona y va a la opción eliminar	4- El sistema muestra una interfaz para la inserción de los datos referentes a este tipo de estudio (número, nombre y apellidos, cigosidad y cogemelo enfermo).	

personas.	
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema permite editar los campos en caso que sea necesario.
7- El genetista selecciona la opción: Aceptar.	8- El sistema muestra una interfaz con resultados de los cálculos aplicados al estudio (Proporción de concordancia para el caso par, Proporción de concordancia para el caso índice, heredabilidad por el método de Falconer).
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados obtenidos (Ver flujo alterno)	

**Prototipo de interfaz**



**Flujo Alterno**

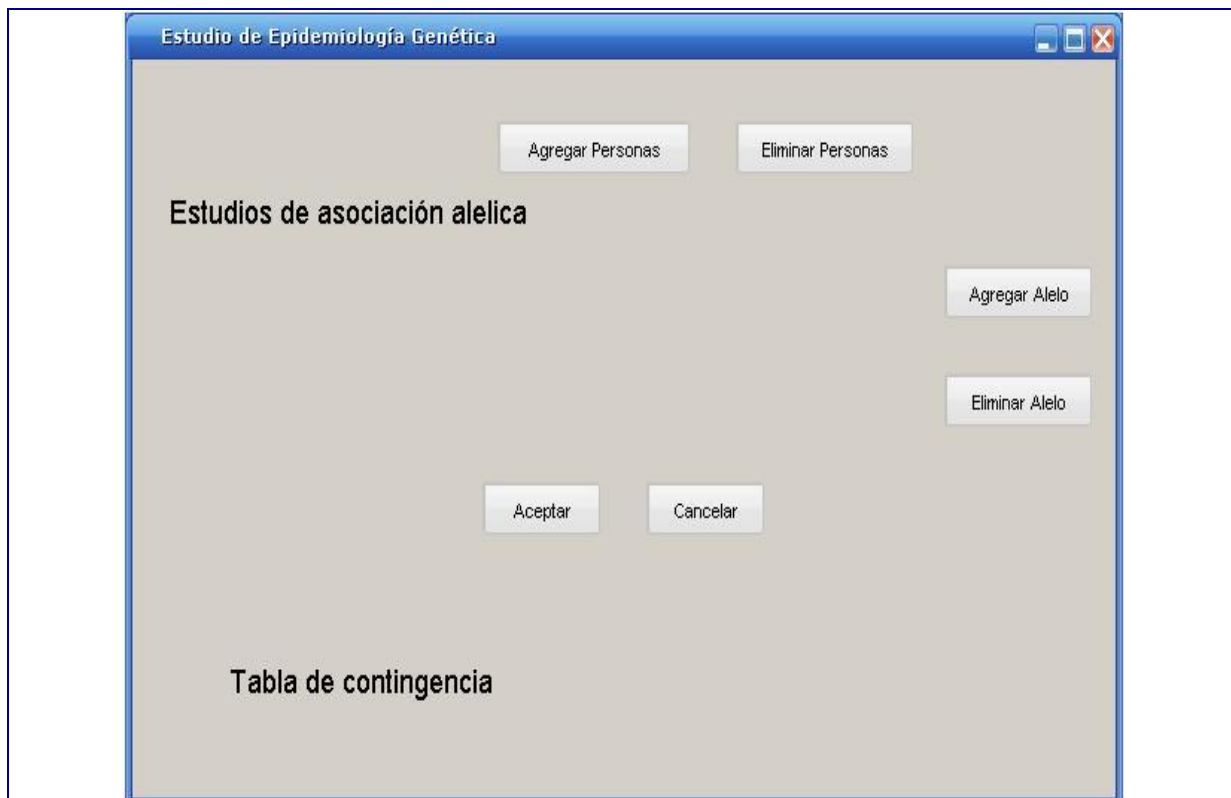
--	--



7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.
9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio clásicos en gemelos.

<b>CU-10</b>	<b>Crear estudio de asociación alélica.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio de asociación alélica.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Genética en el caso específico asociación alélica. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 10.1, RF 10.2, RF 10.3, CUS 1.
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio de total de familiares se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico
<b>Sección "General"</b>	

<b>Curso Normal de los Eventos</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>
1-El genetista desea crear un estudio de asociación alélica.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio.
3- El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio, además de seleccionar la opción insertar alelos e insertar la cantidad de alelos necesarios para el estudio que se realiza. Si desea eliminar personas selecciona la opción eliminar personas y si desea eliminar alelos selecciona la opción eliminar alelos.	4- El sistema muestra una interfaz para la inserción de los datos referentes a este tipo de estudio (número, nombre y apellidos, enfermo, alelo #)
5- El genetista inserta los datos necesarios.	6- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.
7- El genetista selecciona la opción Aceptar.	8- El sistema muestra una interfaz con la tabla de contingencia correspondiente a este tipo de estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Chi Cuadrado de Mantel Haenzel, Chi Cuadrado de Pearson, Chi Cuadrado Corregido de Yate, test exacto de Fisher) correspondientes a este tipo de estudio.
9- El genetista puede salvar o imprimir los resultados obtenidos (Ver flujo alterno)	
<b>Prototipo de interfaz</b>	



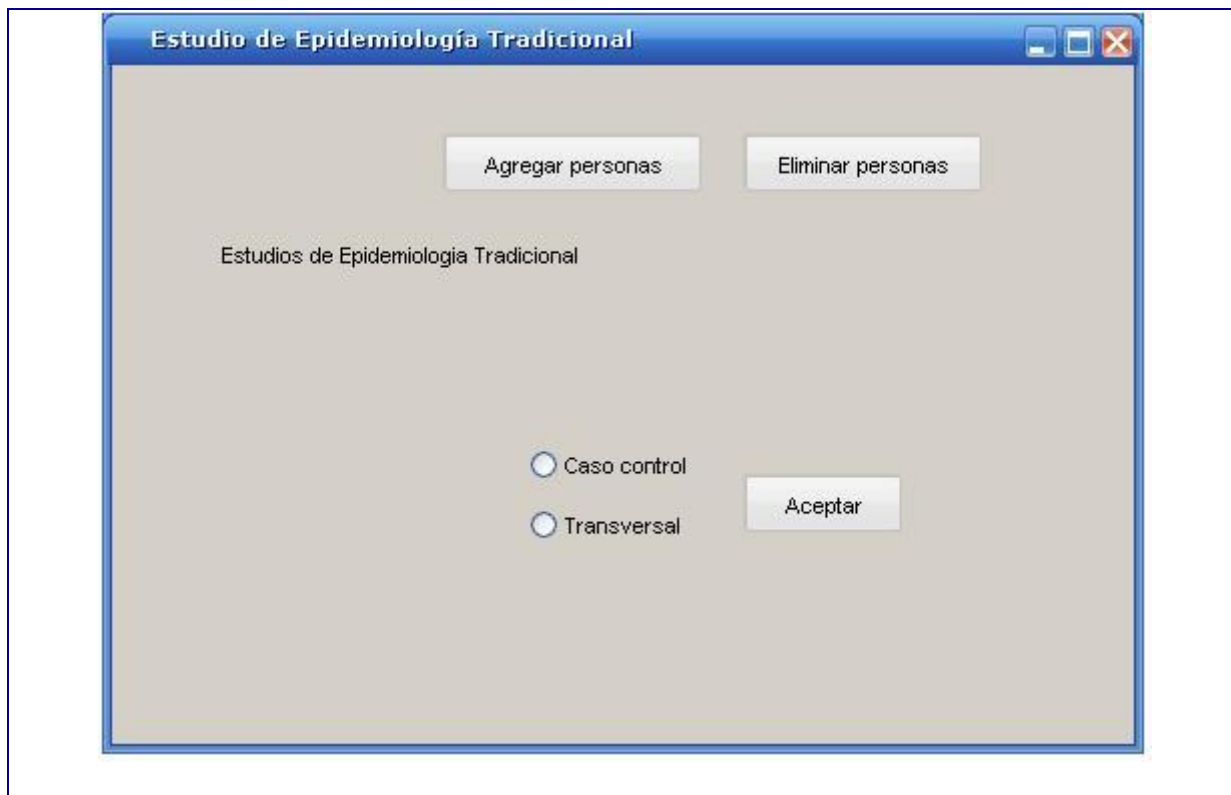
**Flujo Alterno**

Acciones del sistema	Respuesta del sistema
7.1 El genetista desea salvar el estudio.	8.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio.)
7.2 El genetista desea cancelar el estudio.	8.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
9.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	9.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
9.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	9.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.

9.2-El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 7.1 y 8.1.)	
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio de asociación alélica.

<b>CU-11</b>	<b>Crear estudio general de Epidemiología Tradicional.</b>
<b>Actores</b>	Genetista
<b>Propósito</b>	El genetista desea crear un estudio general de Epidemiología Tradicional.
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea crear un nuevo estudio de Epidemiología Tradicional en el caso específico estudio general de Epidemiología Tradicional. Para ello inserta los datos necesarios para la creación del estudio y obtiene los resultados del mismo. El caso de uso finaliza cuando se obtienen los resultados del estudio.
<b>Referencias</b>	RF 11.1, RF 11.2, RF 11.3, RF 11.4, CUS 2.
<b>Precondiciones</b>	Para imprimir un estudio general de epidemiologia tradicional se deben haber insertado datos previamente en la interfaz correspondiente al mismo y obtenido los resultados del estudio.
<b>Prioridad</b>	Crítico
<b>Sección "General"</b>	

<b>Curso Normal de los Eventos</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>
1-El genetista desea crear un estudio general de Epidemiología Tradicional.	2- El sistema muestra una interfaz para insertar los datos del estudio siendo estos: número, nombre y apellidos, enfermo y las variables insertadas anteriormente.
3- El genetista selecciona la opción: Agregar personas y le da clic en dependencia de la cantidad de personas que conforman el estudio. Si desea eliminar personas selecciona la opción eliminar personas.	
4- El genetista inserta los datos necesarios.	5- El sistema en tiempo de ejecución valida los datos introducidos.
6- El genetista selecciona el método por el cual desea realizar el estudio a través de las opciones: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Caso Control.</li> <li>• Transversal.</li> </ul>	7. El sistema en correspondencia a lo que haya seleccionado el genetista realiza lo siguiente: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Si selecciona la opción Caso control ir a la sección "Caso control".</li> <li>• Si selecciona la opción Transversales ir a la sección " Transversales ".</li> </ul>
8- El genetista puede salvar o imprimir los resultados obtenidos (Ver flujo alterno sección general).	
<b>Prototipo de interfaz</b>	



**Sección “Caso control”**

Acciones del Actor	Respuesta del Sistema
1- El genetista oprime la opción Aceptar.	2- El sistema muestra un mensaje pidiendo que seleccione la variable para la cual desea realizar el estudio.
3- El genetista selecciona la variable y oprime la opción Aceptar.	4- El sistema en correspondencia a la variable seleccionada por el genetista realiza lo siguiente: <ul style="list-style-type: none"> <li>• En el caso de que la variable que se haya seleccionado sea una variable cuantitativa, el sistema muestra la tabla de resultados correspondiente a este estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Media aritmética, Moda, Mediana, Varianza, Desviación típica, Coeficiente de</li> </ul>

	<p>variación).</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>En el caso de que la variable que se haya seleccionado sea una variable cualitativa, el sistema muestra la tabla de contingencia correspondiente a este estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Porcentaje, Chi cuadrado de Mantel Haenzel, Chi cuadrado de Pearson, Test Exacto de Fisher, Chi cuadrado corregido de Yate, Tasa de prevalencia en expuestos, Tasa de prevalencia en no expuestos, Tasa de prevalencia global, Odds Ratio, Riesgo Atribuible, Riesgo atribuible de expuestos porcentual, Riesgo atribuible poblacional porcentual, Riesgo atribuible poblacional).</li> </ul>
<b>Sección “Transversal”</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del sistema.</b>
1- El genetista oprime la opción Aceptar.	2- El sistema muestra un mensaje pidiendo que seleccione las variables que desea combinar para la realización del estudio.
3- El genetista selecciona las 2 variables a combinar y oprime la opción Aceptar.	4- El sistema muestra la tabla de contingencia correspondiente a este estudio y los resultados de los cálculos aplicados al mismo (Porcentaje, Chi cuadrado de Mantel Haenzel, Chi cuadrado de Pearson, Test Exacto de Fisher, Chi cuadrado corregido de Yate, Tasa de prevalencia en expuestos, Tasa de prevalencia en no expuestos, Tasa de prevalencia global, Odds Ratio, Riesgo Atribuible, Riesgo atribuible de expuestos

	porcentual, Riesgo atribuible poblacional porcentual, Riesgo atribuible poblacional).
<b>Flujo Alterno "Sección General"</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>
6.1 El genetista desea salvar el estudio.	7.1 El sistema muestra una nueva interfaz (Ver CUS Salvar estudio)
6.2 El genetista desea cancelar el estudio.	7.2 El sistema retorna a la interfaz donde se encuentra el estudio.
8.1- El genetista desea imprimir el resultado del estudio realizado.	8.1.1- El sistema muestra la opción para imprimir el estudio.
8.1.2-El genetista selecciona la opción de imprimir.	8.1.3-El sistema imprime el resultado brindando la posibilidad de hacerlo en formato Word.
8.2 El genetista desea salvar los resultados obtenidos (Ir a los pasos 6.1 y 7.1.)	
<b>Flujo Alterno Sección "Caso control"</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>
3.1 El genetista presiona la opción Cancelar.	4.1 El sistema retorna a la interfaz correspondiente al estudio.
<b>Flujo Alterno Sección "Transversal"</b>	
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>
3.1 El genetista presiona la opción Cancelar.	4.1 El sistema retorna a la interfaz correspondiente al estudio.
<b>Poscondiciones</b>	Queda creado el estudio general de Epidemiología Tradicional.



<b>CU-12</b>	<b>Guardar estudio.</b>	
<b>Actores</b>	Genetista	
<b>Propósito</b>	El genetista desea guardar un estudio.	
<b>Resumen</b>	El caso de uso se inicia cuando el genetista desea salvar un estudio. El caso de uso finaliza cuando se salva el estudio.	
<b>Referencias</b>	RF 12.1, CUS 3, CUS 5, CUS 6, CUS 7, CUS 8, CUS 9, CUS 10, CUS 11.	
<b>Precondiciones</b>	Solo se puede salvar un estudio cuando se insertan datos o cuando se obtienen resultados.	
<b>Prioridad</b>	Secundario.	
<b>Sección "General"</b>		
<b>Curso Normal de los Eventos</b>		
<b>Acciones del Actor</b>	<b>Respuesta del Sistema</b>	
1- El genetista desea salvar un estudio.	2- El sistema muestra la interfaz correspondiente para que el genetista salve el estudio.	
3- El genetista escoge la dirección en la que desea salvar el estudio.		
4- El genetista presiona la opción "Guardar".	5- El sistema salva el estudio en la dirección seleccionada por el genetista con el formato establecido.	
<b>Prototipo de interfaz</b>		



**Flujo Alternativo**

Acciones del Actor	Respuesta del Sistema
4.1 El genetista presiona la opción "Cancelar".	5.1 El sistema retorna a la interfaz en la que se realiza el estudio.
<b>Poscondiciones</b>	Se salva el estudio realizado.

## GLOSARIO DE TÉRMINOS

1. **Análisis estadísticos (ámbito salud):** estudio desde diferentes ámbitos de las condiciones, situaciones y problemas de salud
2. **CNGM: Centro Nacional de Genética Médica** de referencia nacional para el Programa Cubano de Diagnóstico Manejo y Prevención de Enfermedades Genéticas y Defectos Congénitos
3. **Epidemiología:** es la disciplina científica que estudia la distribución, frecuencia, determinantes, relaciones, predicciones y control de los factores relacionados con la salud y enfermedad en poblaciones humanas.
4. **Epidemiología Genética:** es una disciplina relativamente reciente que estudia la interacción entre los factores genéticos y ambientales que dan origen a las enfermedades del ser humano.
5. **Epidemiología Tradicional:** desarrollo del estudio epidemiológico como factor fundamental para comparar poblaciones en cuanto a alguna característica de interés (sujetos enfermos o sujetos sanos, vivos o muertos, niños o adultos, hombres o mujeres, etc.).
6. **Estadística:** es una ciencia con base matemática referente a la recolección, análisis e interpretación de datos, que busca explicar condiciones regulares en fenómenos de tipo aleatorio.
7. **Estadística descriptiva:** se dedica a los métodos de recolección, descripción, visualización y resumen de datos originados a partir de los fenómenos en estudio. Los datos pueden ser resumidos numérica o gráficamente. Ejemplos básicos de descriptores numéricos son la media y la desviación estándar. Resúmenes gráficos incluyen varios tipos de figuras y gráficos.
8. **Estadística inferencial:** se dedica a la generación de los modelos, inferencias y predicciones asociadas a los fenómenos en cuestión teniendo en cuenta lo aleatorio e incertidumbre en las observaciones. Se usa para modelar patrones en los datos y extraer inferencias acerca de la población de estudio.

9. **JDK (*Java Development Kit* por sus siglas en inglés)**: es un software que provee herramientas de desarrollo para la creación de programas en java.
  
10. **RUP (*Rational Unified Process* por sus siglas en inglés)**: es un proceso de desarrollo de software y junto con el Lenguaje Unificado de Modelado (UML), constituye la metodología estándar más utilizada para el análisis, implementación y documentación de sistemas orientados a objetos.
  
11. **Software**: conjunto de los programas de cómputo, procedimientos, reglas, documentación y datos asociados que forman parte de las operaciones de un sistema de computación.
  
12. **Software libre**: software que brinda libertad a los usuarios sobre su producto adquirido y por tanto, una vez obtenido, puede ser usado, copiado, estudiado, modificado y redistribuido libremente.
  
13. **UML (*Unified Modeling Language* por sus siglas en inglés)**: es un lenguaje de modelado gráfico para visualizar, especificar, construir y documentar un sistema. UML ofrece un estándar para describir un "plano" del sistema (modelo), incluyendo aspectos conceptuales tales como procesos de negocio y funciones del sistema, y aspectos concretos como expresiones de lenguajes de programación, esquemas de bases de datos y componentes reutilizables.