

T591.15
CHAS
V1

ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DEL LITORAL



PROGRAMA DE TECNOLOGÍA EN COMPUTACIÓN

TESIS DE GRADO

**PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE:
ANALISTA DE SISTEMAS**

**TEMA:
SISTEMA DE GENÉTICA**

MANUAL DE DISEÑO

**AUTOR
JOEL RICARDO CHALÉN ORTEGA**

**DIRECTOR
ANL. JORGE LOMBEIDA**

**AÑO
2.001 - 2.002**



DEDICATORIA

El presente trabajo realizado con todo mi esfuerzo, esmero y decisión para la superación constante en la profesión que he escogido y que desempeño de la manera más entusiasta y creativa día tras día con el objetivo de ir avanzando hacia la meta que todo ser humano persigue: "La realización personal y profesional" que se va alcanzando con el transcurrir del tiempo.

El mismo va dedicado en primer lugar, a DIOS, por permitirme llegar hasta donde hoy me encuentro, en la culminación exitosa de una etapa más de mi vida.

En segundo lugar, a mi familia, de manera especial a mi mamá Ernestina Ortega, por todo el sacrificio y el apoyo que me ha dado para ser un hombre de bien, siendo ella, el principal modelo de virtudes, voluntad y amor verdadero que he tenido, al mismo tiempo me ha entregado todo sin pedir nada a cambio.



AGRADECIMIENTO

Con mis sinceras palabras, brindo un homenaje a través de este agradecimiento público a todas aquellas personas que a lo largo de mi existencia han sido para mí fuente de inspiración y buenos ejemplos, que de una u otra forma me han ayudado a ser lo que hoy soy.

Gracias a DIOS, por darme lo que tengo; a mis padres y hermanas, por su cariño y comprensión; a mis profesores, por ser fuente de inspiración, en especial al Anl. Jorge Lombeida el mismo que me ha ayudado finalizar con éxito el proyecto; y, a mis amigas y amigos de estudio y de trabajo, porque de ellos también he aprendido algo, a ser solidario, constante y perseverante en la consecución de los Objetivos propuestos y por toda la ayuda y apoyo que me han brindado.

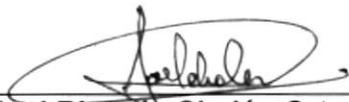


DECLARACIÓN EXPRESA

La responsabilidad por los hechos, ideas y doctrinas expuestas en esta Tesis de Grado nos corresponden exclusivamente; y el patrimonio intelectual de la misma al PROTCOM (Programa de Tecnología en Computación) de la Escuela Superior Politécnica del Litoral.



FIRMA DEL AUTOR DE TESIS


Joel Ricardo Chalén Ortega.



FIRMA DEL DIRECTOR DE TESIS

A handwritten signature in black ink, consisting of several overlapping loops and a central scribble, is positioned above a horizontal line.

Anl. JORGE LOMBEIDA.



TABLA DE CONTENIDO

CAPÍTULO 1

| | |
|--|---|
| 1. INTRODUCCIÓN AL SISTEMA..... | |
| 1.1. INTRODUCCIÓN..... | 1 |
| 1.2. ANTECEDENTES | 1 |
| 1.3. DIAGRAMA GENERAL DEL SISTEMA..... | 3 |

CAPÍTULO 2

| | |
|---|---|
| 2. DIAGRAMA DE FLUJO DE DATOS..... | 1 |
| 2.1. INGRESO DE BANDAS BASES | 1 |
| 2.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS..... | 2 |
| 2.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS..... | 3 |
| 2.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS BLANCOS..... | 4 |
| 2.5. IDENTIFICACIÓN DE UN PERFIL ESPECÍFICO..... | 5 |

CAPÍTULO 3

| | |
|---|---|
| 3. DIAGRAMA DE FLUJO DE INFORMACIÓN..... | 1 |
| 3.1. INGRESO DE BANDAS BASES | 1 |
| 3.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS..... | 2 |
| 3.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS..... | 3 |
| 3.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS BLANCOS..... | 4 |
| 3.5. IDENTIFICACIÓN DE UN PERFIL ESPECÍFICO..... | 5 |

CAPÍTULO 4

| | |
|---|---|
| 4. DIAGRAMA JERÁRQUICO DEL SISTEMA..... | 1 |
| 4.1. SISTEMA DE GENÉTICA..... | 2 |
| 4.1.1. SYSTEM GENETIC (0000)..... | 2 |
| 4.1.2. FILE (1000)..... | 2 |
| 4.1.3. DATA MAINTENANCE (2000)..... | 2 |
| 4.1.4. GENETIC (3000)..... | 2 |
| 4.1.5. QUERY (4000)..... | 2 |
| 4.1.6. PROCESOS(5000)..... | 2 |
| 4.1.7. AYUDA (6000)..... | 2 |
| 4.2. FILE (1000)..... | 3 |
| 4.2.1. PRINT SETUP (1010)..... | 3 |
| 4.2.2. EXIT (1020)..... | 3 |
| 4.3. DATA MAINTENANCE(2000)..... | 4 |
| 4.3.1. SOURCE(2010)..... | 4 |
| 4.3.2. DEFORMITY (2020)..... | 4 |
| 4.4. GENETIC (3000)..... | 5 |
| 4.4.1. DATA PROFILE ENTRY (3010)..... | 5 |



| | |
|--|---|
| 4.4.2. ANALYSIS GENERATION (3020)..... | 5 |
| 4.4.3. PROFILE GENERATION (3020)..... | 5 |
| 4.4.4. MODALS AND SUBJECTS COMPARISSON (3040)..... | 5 |
| 4.4.5. COMPARISSON AMONG COMPARISSON (3050)..... | 5 |
| 4.5. QUEY (4000)..... | 6 |
| 4.5.1. PROFILE GENERATION QUERY (4010)..... | 6 |
| 4.5.2. MODALS AND SUBJECTS COMPARISSON(4020)..... | 6 |
| 4.6. PROCESS(5000)..... | 7 |
| 4.6.1. DATABASE BACKUP (5010)..... | 7 |
| 4.6.2. DATA BASE RESTORE(5020)..... | 7 |
| 4.7. HELP (7000)..... | 8 |
| 4.7.1 ABOUT GENETIC SYSTEM..... | 8 |

CAPÍTULO 5

| | |
|---|---|
| 4. ESTANDARIZACIONES..... | 1 |
| 5.1 FORMATO PARA ALMACENAMINETO DE INFORMACIÓN..... | 1 |
| 5.1.1 NOMBRE DE LA BASE DE DATOS..... | 1 |
| 5.1.2 NOMBRE DE LAS TABLAS..... | 1 |
| 5.1.3 NOMBRE DE LOS CAMPOS..... | 1 |
| 5.2 FORMATOS PARA VARIABLES DEL SISTEMA..... | 1 |
| 5.2.1 NOMBRE DEL PROYECTO..... | 1 |
| 5.2.2 NOMBRE FISICO Y LÓGICO DE LAS FORMAS..... | 2 |
| 5.2.3 NOMBRE DE CONTROLES..... | 2 |
| 5.2.4 NOMBRE DE VARIABLES..... | 3 |

CAPÍTULO 6

| | |
|--------------------------|---|
| 6. ENTIDAD RELACIÓN..... | 1 |
|--------------------------|---|

CAPÍTULO 7

| | |
|---|----|
| 7. DISEÑO DE ARCHIVOS..... | 1 |
| 7.1. TABLAS MAESTRAS..... | 1 |
| 7.1.1. TABLA DE PARÁMETROS..... | 1 |
| 7.1.2. TABLA DE PERFILES..... | 2 |
| 7.1.3. TABLAS DE CÓDIGOS DE PREFERENCIAS..... | 3 |
| 7.1.4. TABLA DE RANGOS BASES..... | 4 |
| 7.1.5. TABLA DE CÓDIGOS DE DEFORMIDADES..... | 5 |
| 7.1.6. TABLA DE TIPO DE ESTADIOS..... | 6 |
| 7.1.7. TABLA DE USUARIOS..... | 7 |
| 7.2. TABLAS TRANSACCIONALES..... | 8 |
| 7.2.1. TABLA DE BANDAS DE LOS ANÁLISIS GENETICOS..... | 8 |
| 7.2.2. TABLA DE ANÁLISIS GENÉTICO CABECERA..... | 9 |
| 7.2.3. TABLA DE ANÁLISIS GENÉTICO DETALLE..... | 10 |
| 7.2.4. TABLA BANDAS DEFINITIVAS..... | 11 |
| 7.2.5. TABLA BANDAS DEFINITIVAS DETALLE..... | 12 |



| | |
|---|----|
| 7.2.6. TABLA BANDAS ELIMINADAS..... | 13 |
| 7.2.7. TABLA BANDAS ELIMINADAS CABECERA..... | 14 |
| 7.2.8. TABLA BANDAS ELIMINADAS DETALLE..... | 15 |
| 7.2.9. TABLA RESÚMENES DE BANDAS..... | 16 |
| 7.2.10. TABLA MÁSCARA DE BANDAS..... | 17 |
| 7.2.11. TABLA DE COMPARACIÓN ENTRE PATRÓN Y BLANCOS..... | 18 |
| 7.2.12. TABLA DE COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN..... | 19 |
| 7.2.13. TABLA CABECERA DE LAS BANDAS BASES CON RELACIÓN A UN PERFIL..... | 20 |
| 7.2.14. TABLA RANGOS DE VALORES DE MUESTRA DE RANGOS..... | 21 |
| 7.2.15. TABLA DE BASES BANDAS DE UN PERFIL..... | 22 |
| 7.2.16. TABLA BANDAS PATRONES PARA COMPARACION PATRÓN VS BLANCOS..... | 23 |

CAPÍTULO 8

| | |
|---|----|
| 8. DISEÑO DE ENTRADAS Y SALIDAS..... | 1 |
| 8.1. DISEÑO DE PANTALLAS..... | 1 |
| 8.1.1. CONTROL DE ACCESO AL SISTEMA..... | 1 |
| 8.1.2. MENÚ PRINCIPAL DEL SISTEMA..... | 3 |
| 8.1.3. MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES..... | 5 |
| 8.1.4. MANTENIMIENTO DE ORÍGENES Y PROCEDENCIAS.. | 7 |
| 8.1.5. REGISTRO DE PERFIL BASE..... | 9 |
| 8.1.6. GENERACIÓN DE RESÚMENES DE BANDAS..... | 12 |
| 8.1.7. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS..... | 16 |
| 8.1.8. COMPARACIÓN DE BANDAS PATRON VS BLANCOS.. | 19 |
| 8.1.9. IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES..... | 22 |
| 8.1.10. CONSULTA DE COMPARACIÓN DE BANDAS UNICAS / BANDAS COMPLETAS..... | 24 |
| 8.1.11. CONSULTA COMPARACIÓN BANDAS PATRON VS BLANCOS..... | 26 |
| 8.1.12. CONSULTA PERFILES..... | 28 |
| 8.1.13. CONSULTA CODIGOS..... | 30 |
| 8.1.14. CONSULTA PALETA DE COLORES..... | 32 |
| 8.1.15. CONSULTA DE FAMILIAS CON BANDAS UNICAS COMPLETAS..... | 34 |
| 8.1.16. IDENTIFICACIÓN DE PERFIL COMPATIBLES..... | 36 |
| 8.1.17. RESPALDO DE BASE DE DATOS..... | 38 |
| 8.1.18. RESTAURACIÓN DE RESPALDO DE BASE DE DATOS..... | 40 |
| 8.2. DISEÑO DE REPORTES..... | 43 |
| 8.2.1 REPORTE GENERAL DE PERFIL..... | 43 |
| 8.2.2 REPORTE GENERAL DE FAMILIA POR PERFIL..... | 44 |
| 8.2.3 REPORTE DE PERFIL CON MÁSCARA..... | 45 |



| | | |
|-------|---|----|
| 8.2.4 | REPORTE DE ANÁLISIS CON PERFIL..... | 46 |
| 8.2.5 | REPORTE DE COMPARACIÓN PATRON / BLANCO..... | 47 |
| 8.2.6 | REPORTE DE IDENTIFICACIÓN DEL PERFIL..... | 48 |

CAPÍTULO 9

BIBLIOTECA
CAMPUS
PEÑAS

| | | |
|-------|---|----|
| 9. | DIAGRAMA IPO Y NARRATIVAS DE PROGRAMAS..... | 1 |
| 9.1 | MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES..... | 1 |
| 9.1.1 | IPO DE DEFORMIDADES..... | 1 |
| 9.1.2 | NARRATIVA DE DEFORMIDADES..... | 2 |
| 9.2 | MANTENIMIENTO DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS..... | 3 |
| 9.2.1 | IPO DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS..... | 3 |
| 9.2.2 | NARRATIVA DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS..... | 4 |
| 9.3 | REGISTRO DE PERFIL BASE..... | 5 |
| 9.3.1 | IPO DE PERFIL BASE..... | 5 |
| 9.3.2 | NARRATIVA DE PERFIL..... | 6 |
| 9.4 | GENERACIÓN DE RESÚMENES DE BANDAS..... | 7 |
| 9.4.1 | IPO de Resumen de bandas..... | 7 |
| 9.4.2 | Narrativa de resumen de bandas. | 8 |
| 9.5 | GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS. | 9 |
| 9.5.1 | IPO de bandas únicas / completas..... | 9 |
| 9.5.2 | Narrativa de bandas únicas / completas..... | 10 |
| 9.6 | COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS..... | 11 |
| 9.6.1 | IPO de bandas patron Vs. Blancos..... | 11 |
| 9.6.2 | Narrativa de bandas patron Vs. Blancos..... | 12 |
| 9.7 | IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES..... | 13 |
| 9.7.1 | IPO de Identificación de perfil o bandas comunes..... | 13 |
| 9.7.2 | Narrativa de Identificación de perfil o bandas comunes..... | 14 |



CAPÍTULO 1.

INTRODUCCIÓN AL SISTEMA

1. INTRODUCCIÓN AL SISTEMA.

1.1. INTRODUCCIÓN.

El objetivo de este manual es brindar una herramienta de ayuda u apoyo para los responsables del mantenimiento del Sistema de Genética, estarán en capacidad de conocer:

- La dimensión real del Sistema.
- Las normas y políticas usadas en la elaboración del Sistema.
- El diseño utilizado.
- Las estructuras de datos.
- Los procesos utilizados.
- Los estándares de pantallas y reportes usados en el Sistema.

Este manual está elaborado como soporte para desarrollo y mantenimiento de la operación del Sistema. Entre las personas que tendrán la responsabilidad de realizar estas tareas se encuentran:

- Analista de sistemas.
- Programadores.
- Persona con conocimientos de Análisis y/o Programación.

1.2. ANTECEDENTES.

En 1993 se inició el proyecto de genética en la compañía con la selección masal de animales que presentaban buenas características de crecimiento y supervivencia. Estos animales tienen diferentes orígenes o han experimentado diferentes condiciones durante su cultivo, por lo que se las diferencia como "líneas".

Las líneas que actualmente tenemos son:

- L1 (origen: piscina DIBSA).
- L2 (origen: reservorio DIBSA).
- L3 (origen: laguna ACUATECSA).
- L4 (origen: piscina DIBSA con problemas de salinidad).

Los animales de cada una de estas líneas han estado tanto en la camaronera como en el laboratorio de larvas, cerrando su ciclo de vida (es decir, desde nauplio hasta adulto), es así que cada línea tiene un número determinado de generaciones o filiales (F). La L1 tiene un F6, la L2 un F5 y la L3 un F4. La línea 4 es la más joven de todas y tiene un F1.

También estamos trabajando con animales de orígenes diferentes a nuestras líneas, esto es, Colombia (Cartagena y Tumaco) y Panamá, con lo que estamos obteniendo nuestra primera filial (F) o generación de animales de ciclo cerrado.

A pesar de los problemas por los que atraviesa el sector camaronero por la presencia de la enfermedad viral de la "mancha blanca" (white spot), ya

estamos observando resultados alentadores en producción con el uso de los animales de ciclo cerrado, ya que estos al haber estado enfrentados a condiciones adversas de cultivo (una es la presencia de enfermedades en nuestras piscinas) presentan una mayor "resistencia" a las mismas durante el cultivo.

Básicamente mantenemos dos áreas de interés dentro del proyecto: una es el mantenimiento de líneas puras y la otra la obtención de animales de cruces entre las familias con mejores características. Cada una de estas áreas se basa en la selección de animales bajo los siguientes criterios:

1. Reproducción.
2. Supervivencia.
3. Crecimiento.
4. Deformidad.

Paralelamente a la producción de animales de ciclo cerrado, la compañía cuenta con laboratorios de biología molecular en DIBSA y ACUATECSA. Estas instalaciones, además de proveer el servicio de diagnóstico de enfermedades a través del uso de sondas nucleicas o amplificación de ADN, PCR, nos permiten obtener el perfil genético (huella digital) único de cada animal o familia analizado.

La técnica para la obtención de los perfiles genéticos, se llama AP-PCR (Aleatory Primed-Polymorphism Chain Reaction) y se basa en la amplificación del ADN del animal mediante la utilización de enzima (taq polimerasa) y reactivos (primers aleatorios) que permiten obtener fragmentos de ADN que pueden ser visualizados en un gel de electroforesis (RAPD).

A inicios de este año, se comenzó la obtención de perfiles genéticos de los animales de ciclo cerrado DIBSA-Acuatecsa, estas muestras estaban agrupadas en familias, animales con diferentes tipos de deformidad, diferentes orígenes, reproductores (hembras y machos) u otras características en particular.

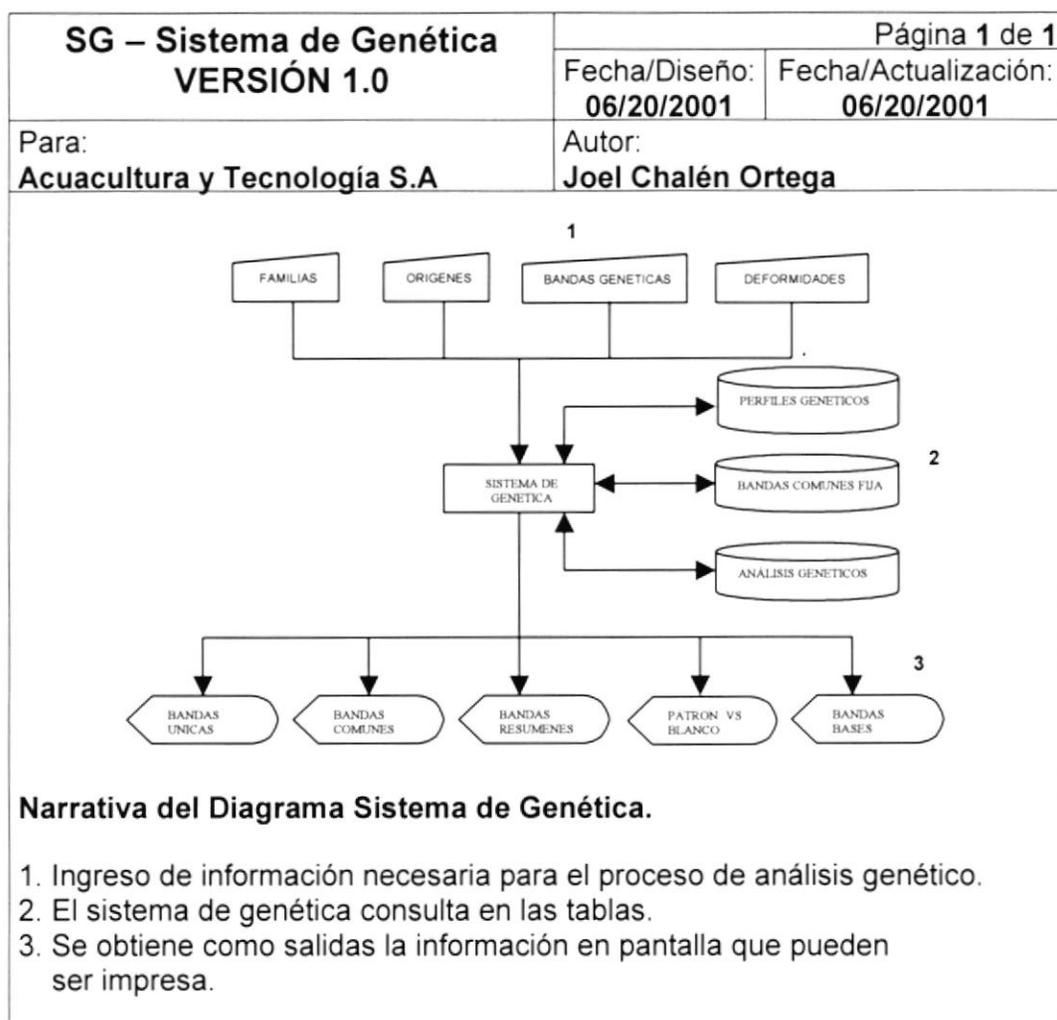
Estos análisis nos ayudan a diferenciar animales que provengan de diferentes familias (DIBSA-Acuatecsa), orígenes (Cartagena, Tumaco y Panamá), animales con diferentes deformidades, o encontrar similitudes o diferencias entre padres (hembra-macho) con la progenie (larvas y/o juveniles).

Para llegar a este nivel de diferenciación, se necesitaba trabajar con los perfiles RAPD obtenidos (cada perfil puede generar más de 10 datos numéricos) y luego hacer comparación entre individuos de una misma familia o con una misma característica, tratando de ubicar características (bandas de ADN) comunes entre sí, para esto se usan lápices de colores, para darle a cada banda común entre individuos un color característico. Luego, es necesario sacar un promedio de las bandas comunes encontradas y crear un perfil para todo el grupo de animales analizados.

Esto implica bastante trabajo visual y generación de datos que manualmente es difícil llevar, por lo tanto se pensó necesario la creación de un sistema computacional que nos permitiera facilitar el trabajo.

El sistema computacional, permitirá automatizar y agilizar el trabajo de las personas de Producción y R&D. El sistema integrará las dos áreas (Producción y R&D) permitiendo intercambiar información valiosa para el proyecto de genética, ayudando además a R&D registrar e identificar un perfil genético de los camarones, para así poder comparar con los resultados generados por Producción, con el objetivo de ver cual es el perfil genético mas conveniente para sembrar en la camaronera con respecto al índice de sobre vivencia. Almacenando toda la información de forma histórica para posibles futuras consultas deseadas por el usuario. Se podrá clasificar de mejor forma la información ya que contará con un manejador de base de datos e interfaz grafica, pudiendo generar múltiples consultas dependiendo de clíterios.

1.3. DIAGRAMA GENERAL DEL SISTEMA.



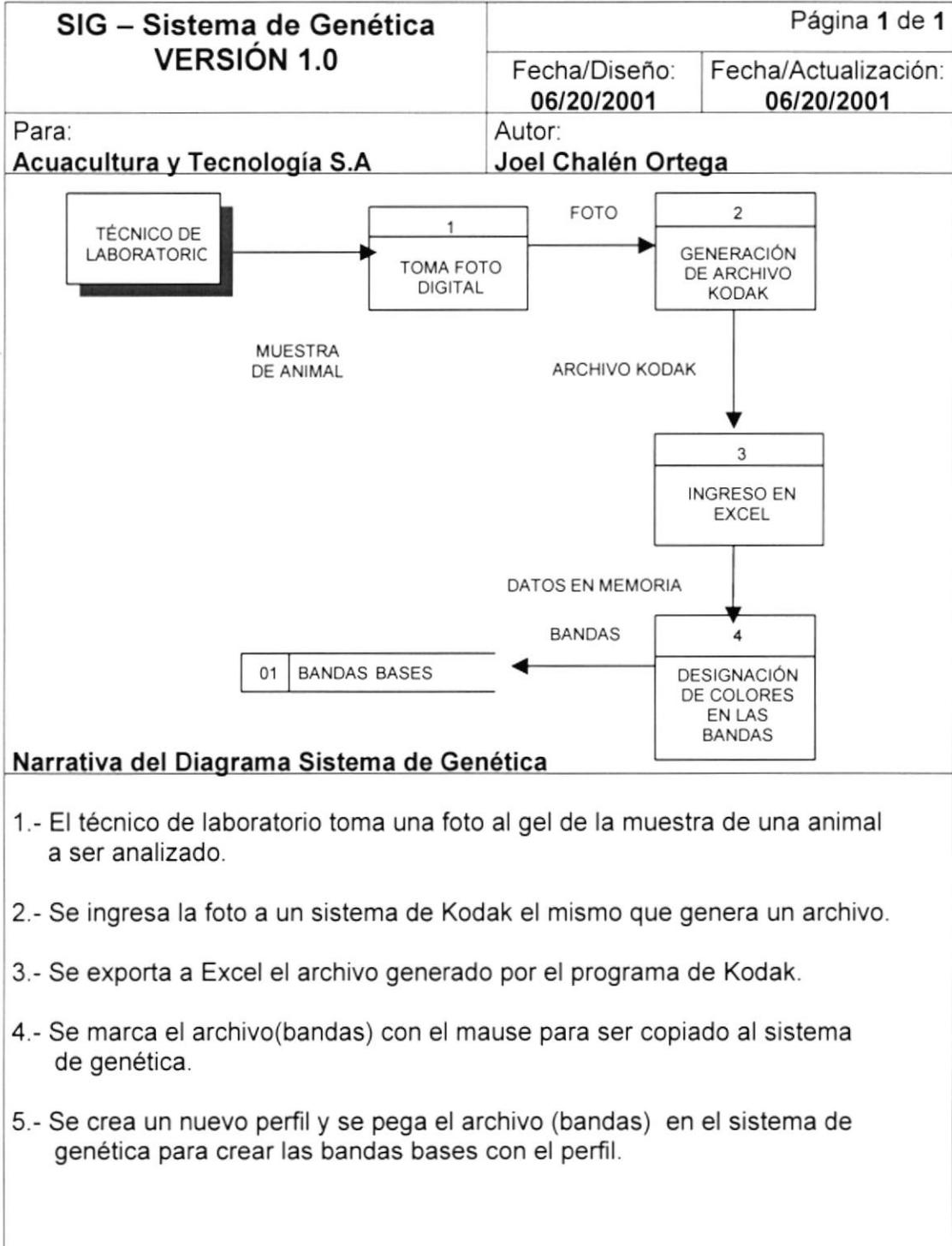


CAPÍTULO 2.

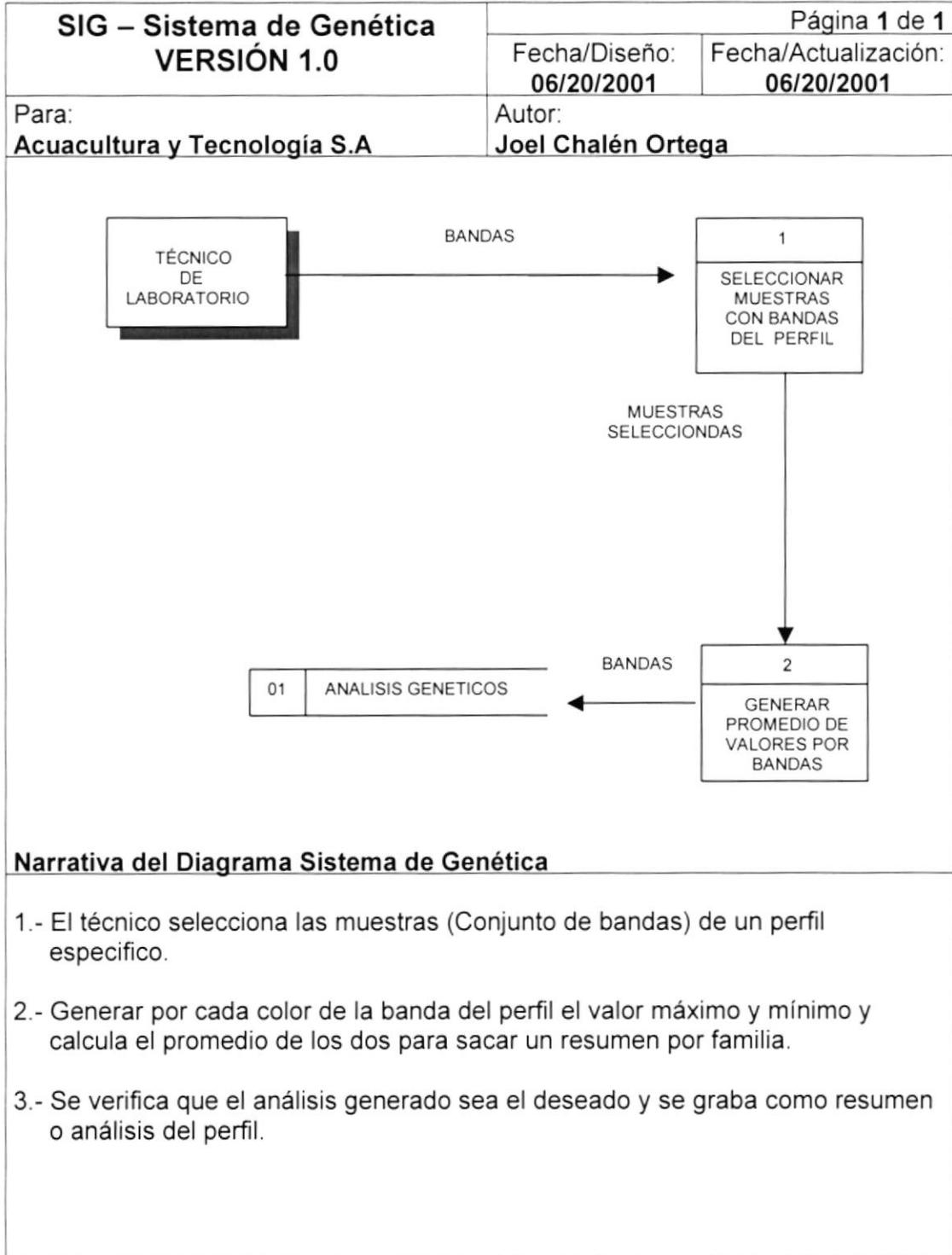
DIAGRAMAS DE FLUJO DE DATOS

2. DIAGRAMA DE FLUJO DE DATOS.

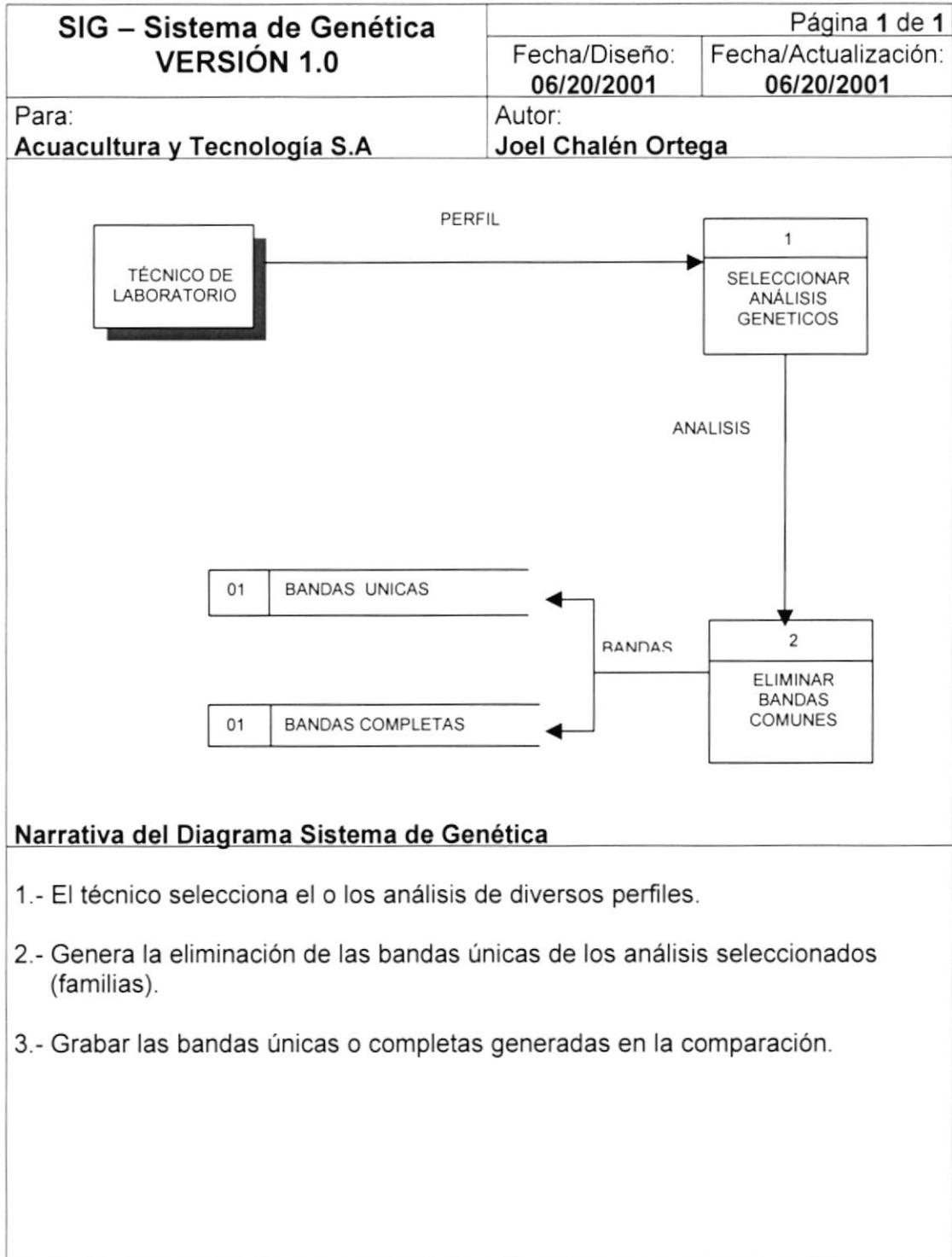
2.1. INGRESO DE BANDAS BASES.



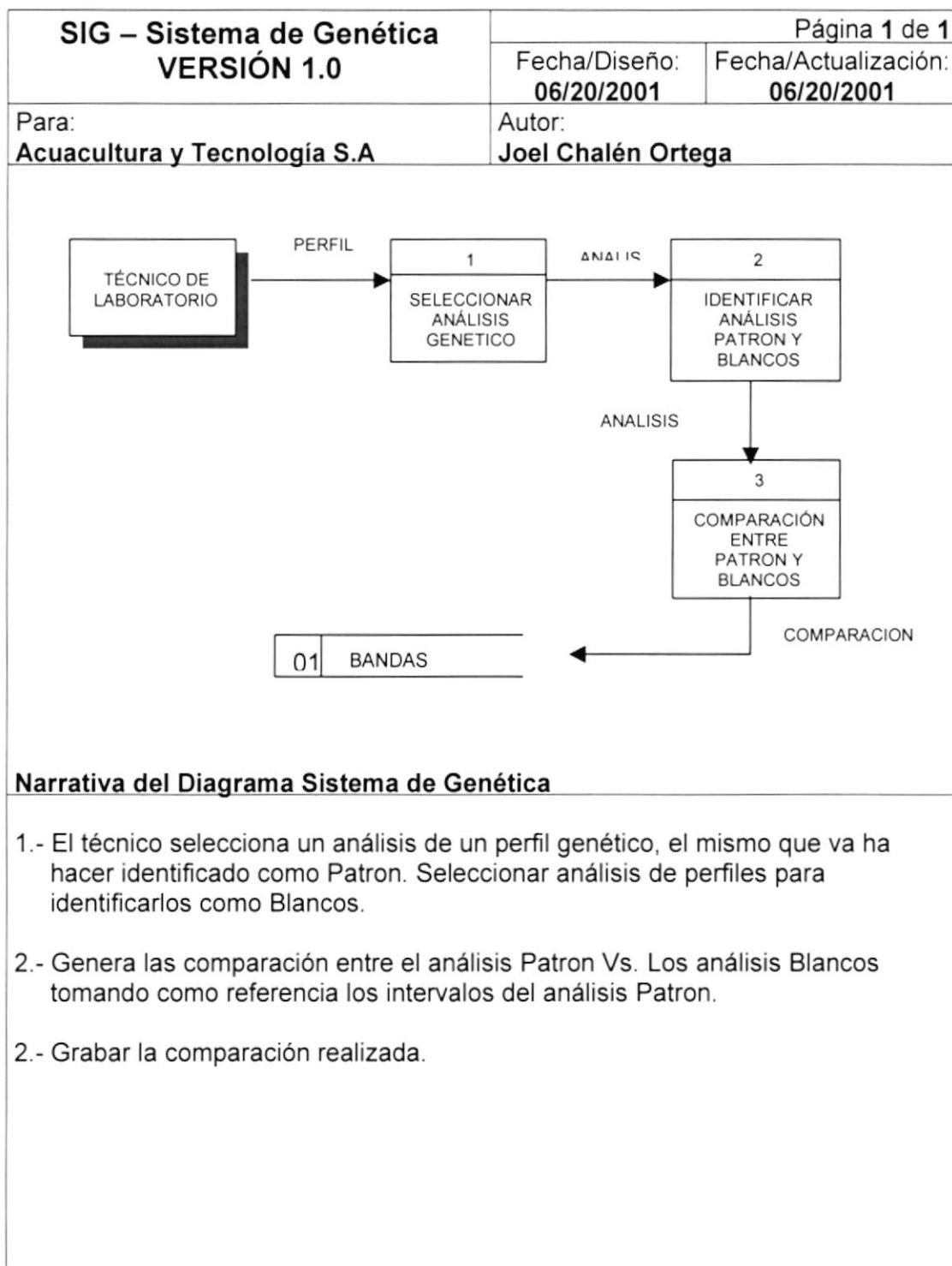
2.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS.



2.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS.

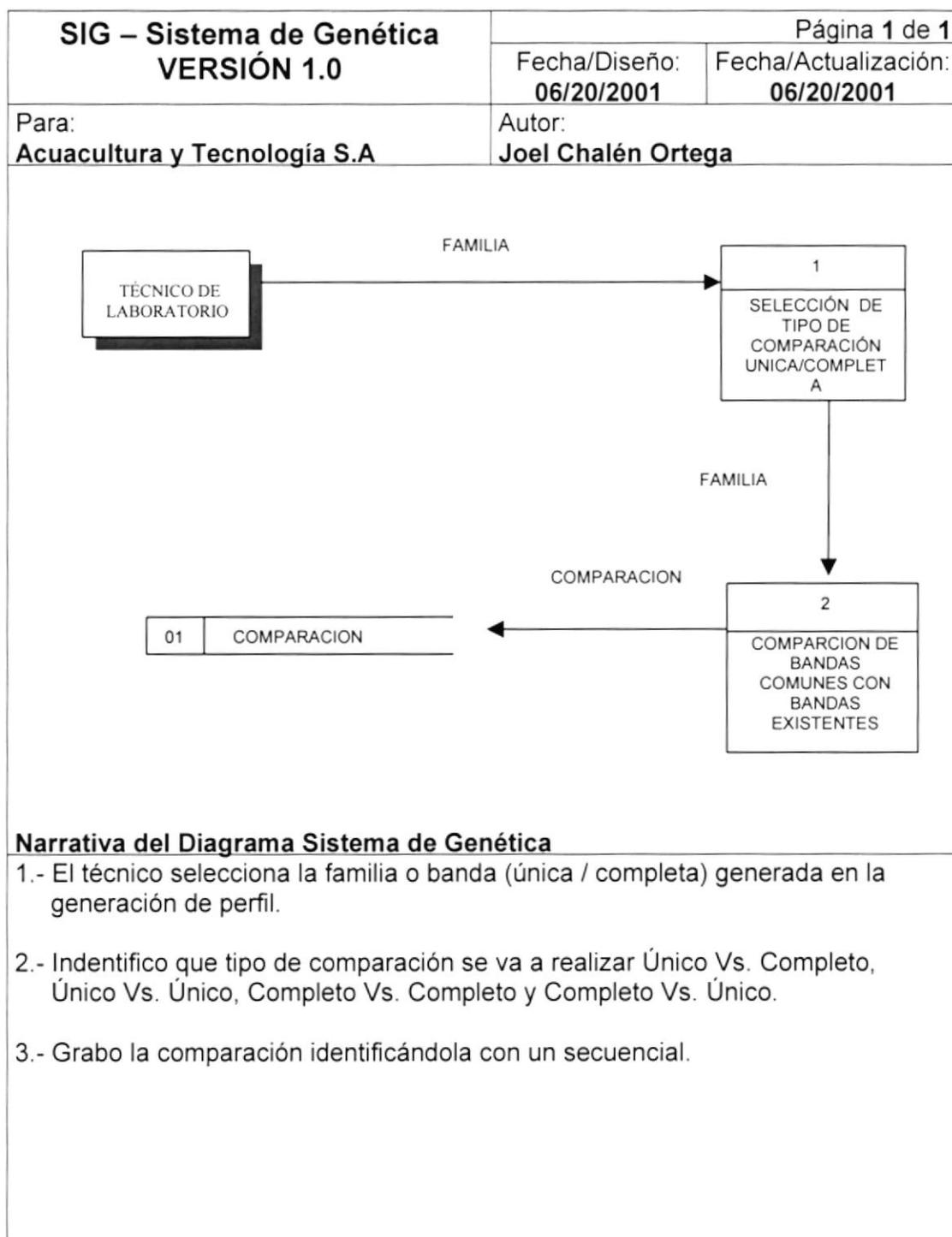


2.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS. BLANCOS.

**Narrativa del Diagrama Sistema de Genética**

- 1.- El técnico selecciona un análisis de un perfil genético, el mismo que va a hacer identificado como Patron. Seleccionar análisis de perfiles para identificarlos como Blancos.
- 2.- Genera las comparación entre el análisis Patron Vs. Los análisis Blancos tomando como referencia los intervalos del análisis Patron.
- 2.- Grabar la comparación realizada.

2.5. IDENTIFICACIÓN DE UN PERFIL ESPECÍFICO.



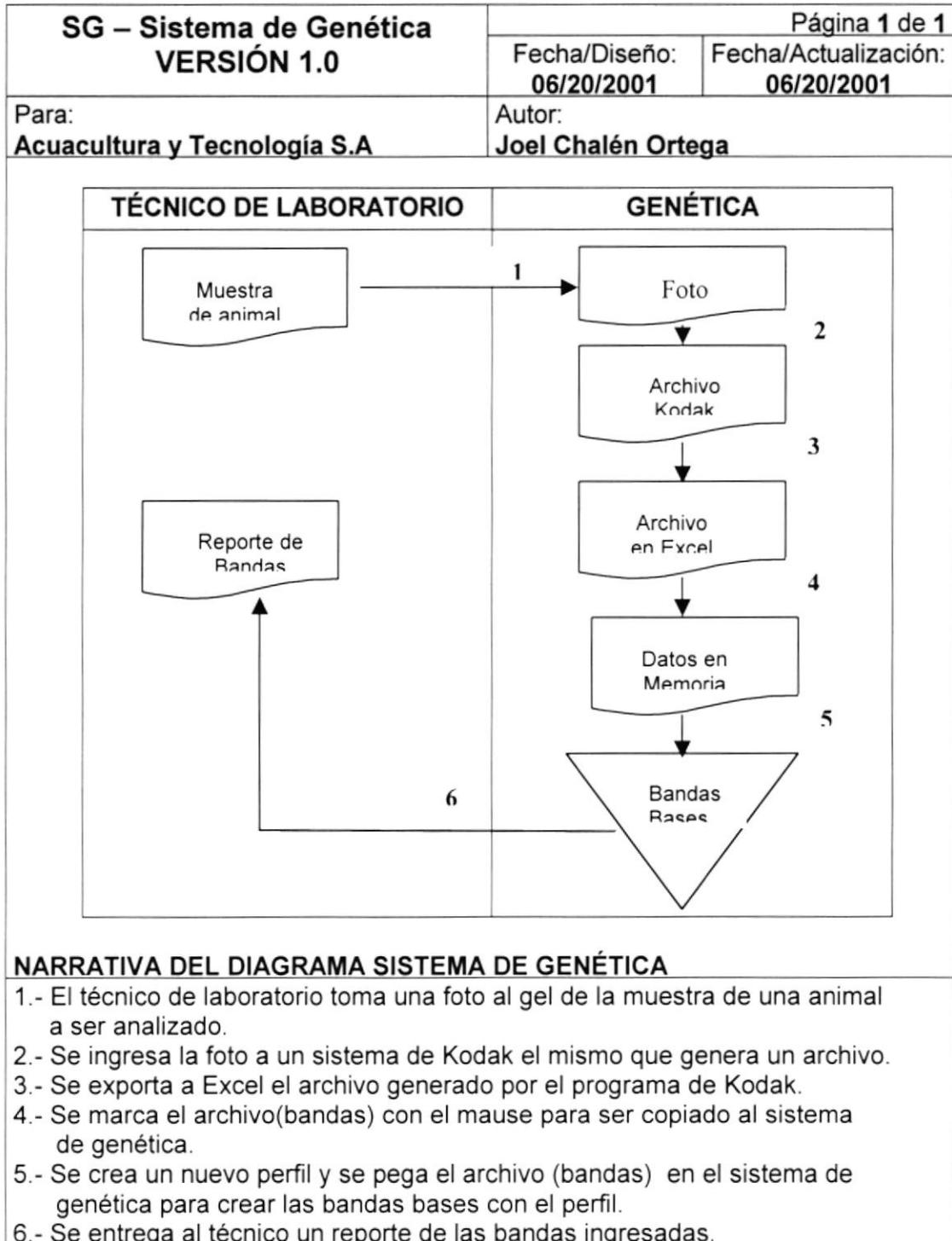


CAPÍTULO 3.

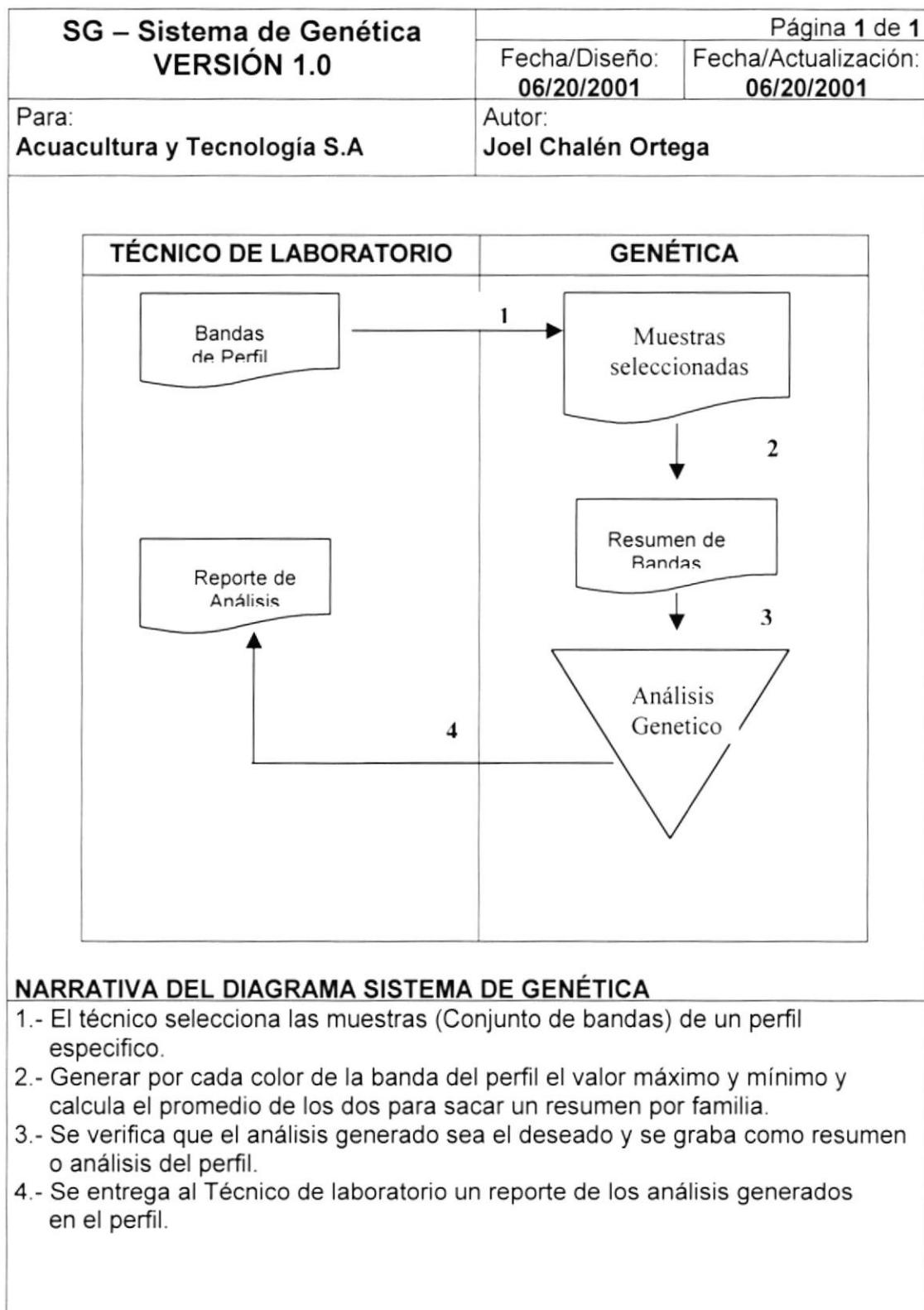
DIAGRAMAS DE FLUJO DE INFORMACIÓN

3. DIAGRAMA DE FLUJO DE DATOS.

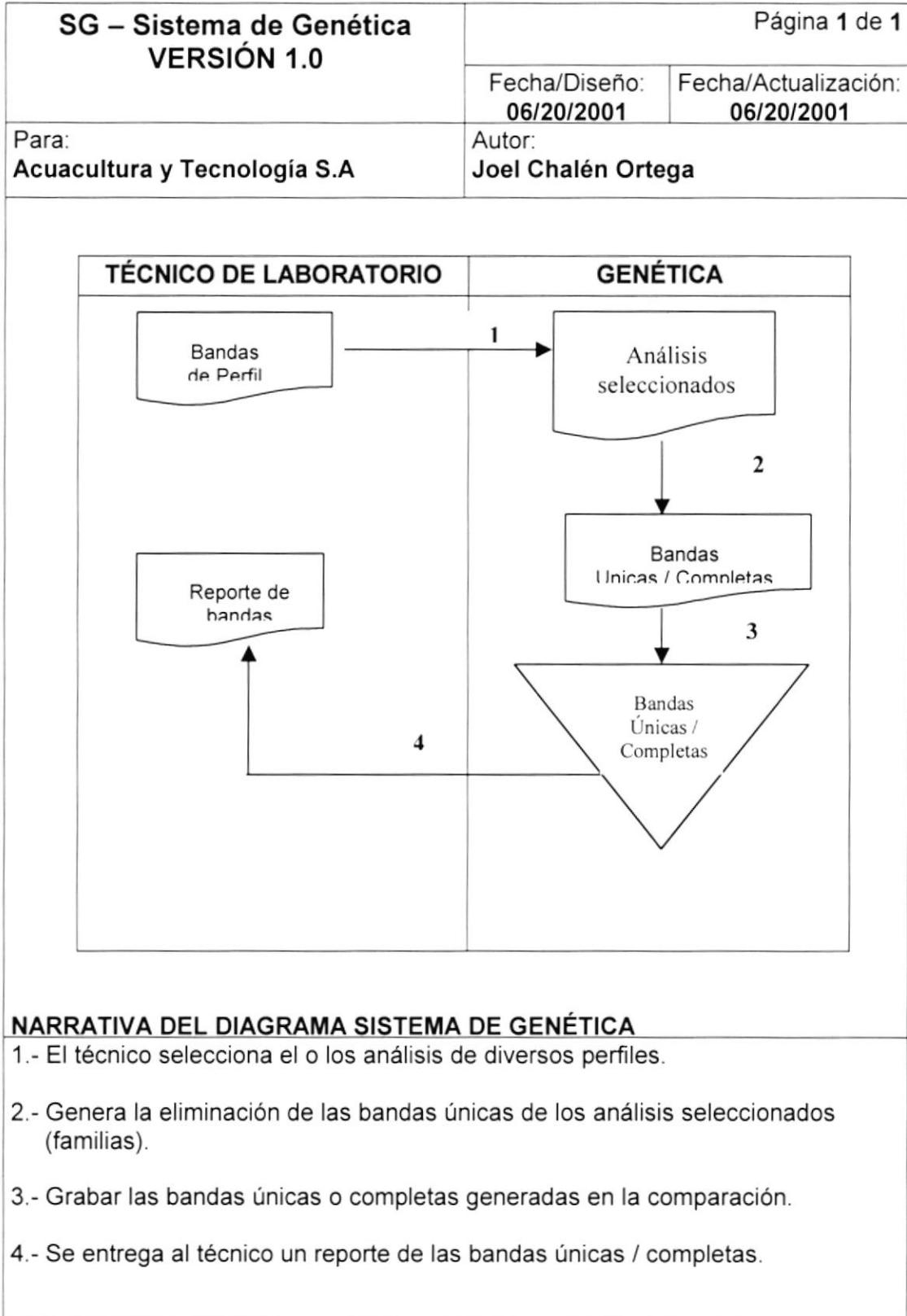
3.1. INGRESO DE BANDAS BASES.



3.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS.

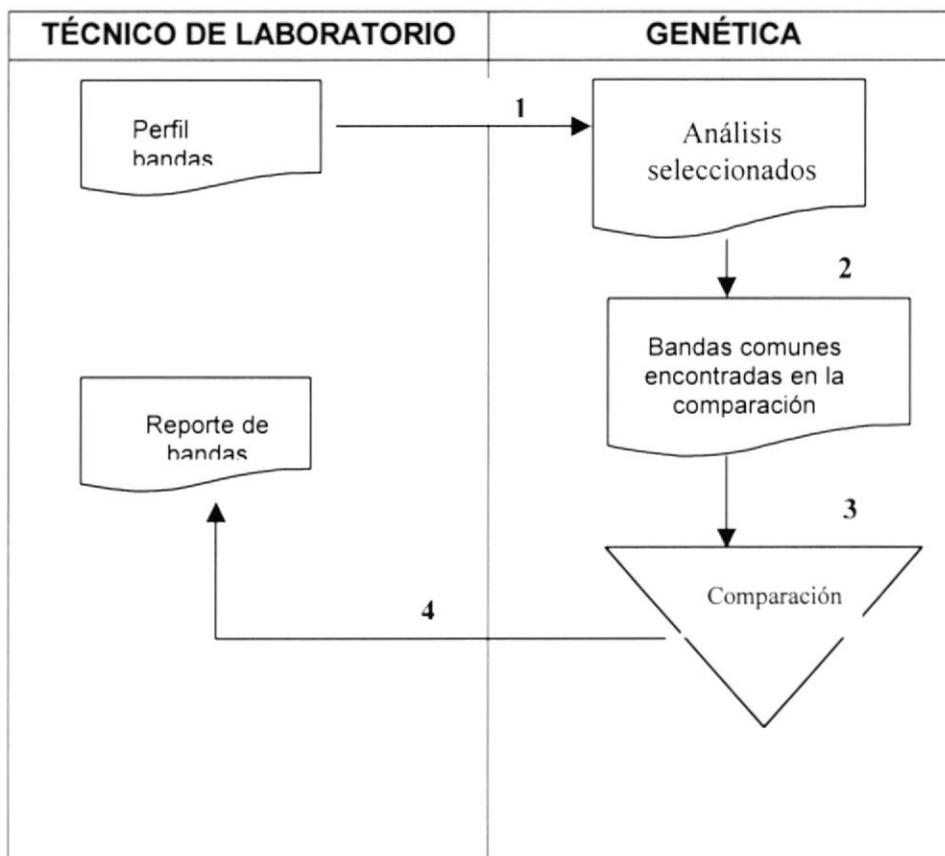


3.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS.



3.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS. BLANCOS.

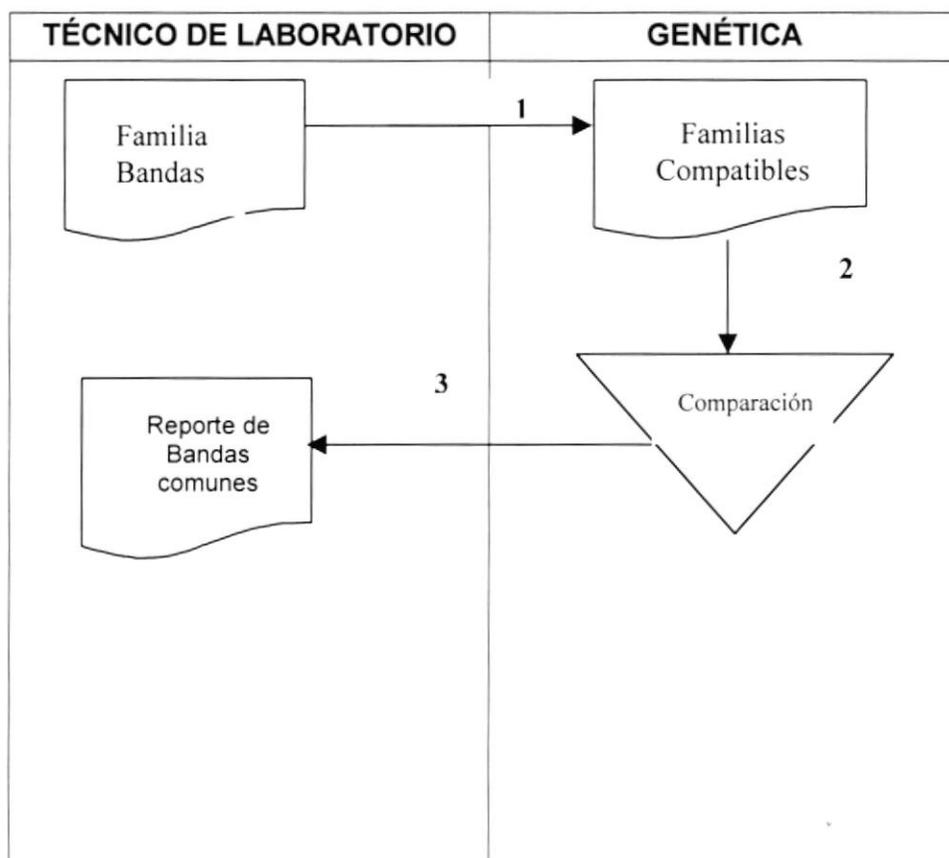
| | | |
|---|-------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |

**NARRATIVA DEL DIAGRAMA SISTEMA DE GENÉTICA**

- 1.- El técnico selecciona un análisis de un perfil genético, el mismo que va a hacer identificado como Patrón. Seleccionar análisis de perfiles para identificarlos como Blancos.
- 2.- Genera las comparación entre el análisis Patrón Vs. Los análisis Blancos tomando como referencia los intervalos del análisis Patrón.
- 3.- Grabar la comparación realizada.
- 4.- Se entrega al técnico un reporte de la comparación entre el Patrón Vs. Blancos.

3.5. IDENTIFICACIÓN DE UN PERFIL ESPECÍFICO.

| | | |
|---|-------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |

**NARRATIVA DEL DIAGRAMA SISTEMA DE GENÉTICA**

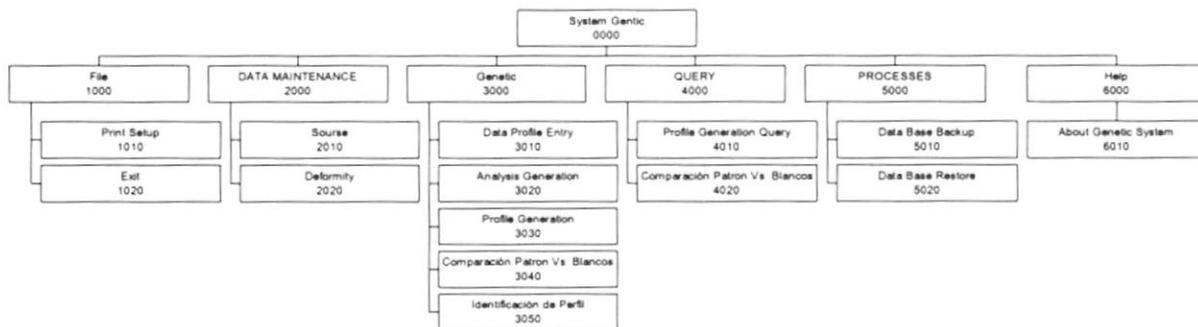
- 1.- El técnico selecciona la familia o banda (única / completa) generada en la generación de perfil.
- 2.- Identifico que tipo de comparación se va a realizar Único Vs. Completo, Único Vs. Único, Completo Vs. Completo y Completo Vs. Único. Grabo la comparación identificándola con un secuencial.
- 3.- Se entrega al técnico un reportes de la comparación.



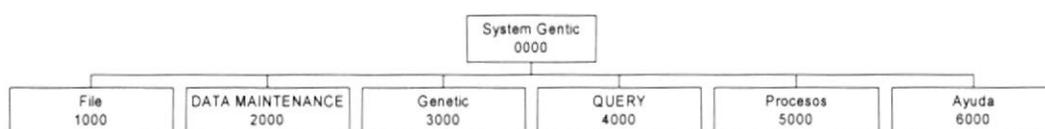
CAPÍTULO 4.

DIAGRAMA JERÁRQUICO DEL SISTEMA

4. DIAGRAMA JERÁRQUICO DEL SISTEMA.



4.1. SISTEMA DE GENETICA.



4.1.1. SYSTEM GENETIC (0000).

Permite enlazar todas las opciones del Sistema de Genética para la generación de análisis genéticos, mantenimiento de tablas y elaboración de consultas y reportes.

4.1.2. FILE. (1000).

Permite configurar la impresora o salir del sistema.

4.1.3. DATA MAINTENANCE (2000).

Permite registrar información de las diferentes tablas maestra que maneja el sistema.

4.1.4. GENETIC (3000).

Permite realizar diversos tipos de operaciones como ingresos de bandas, generación de resúmenes, comparaciones entre patrón y blancos e identificación de perfil.

4.1.5. QUERY (4000).

Proporciona una serie de consultas de los análisis genéticos realizados en el sistema.

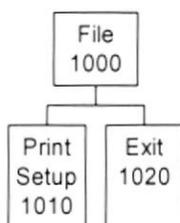
4.1.6. PROCESOS (5000).

Permite realizar procesos como el respaldo y restauración de la base de datos.

4.1.7. AYUDA (6000).

Permite visualizar información del sistema.

4.2. FILE. (1000).



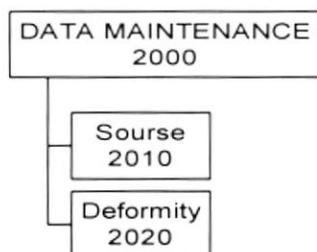
4.2.1. PRINT SETUP (1010).

Permite configurar la impresora que tiene asociada la máquina la cual va a ser considerada como predeterminada en los reportes y las propiedades de la misma.

4.2.2. EXIT (1020).

Permite salir del sistema de Genética.

4.3. DATA MAINTENANCE (2000).



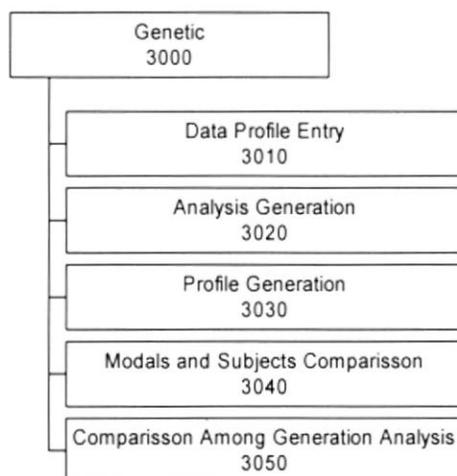
4.3.1. SOURCE (2010).

Permite realizar el mantenimiento de los códigos de procedencias u orígenes de las bandas.

4.3.2. DEFORMITY (2020).

Permite realizar el mantenimiento de los códigos de deformidades que se registra en las muestras de los animales.

4.4. GENETIC (3000).



4.4.1. DATA PROFILE ENTRY (3010).

Permite ingresar y agrupar las bandas a un perfil específico para poder ser pintadas de acuerdo a un rango de colores específico.

4.4.2. ANALYSIS GENERATION (3020).

Permite realizar un resumen de las bandas de acuerdo a las muestras seleccionadas de un perfil específico, para poder generar un análisis deseado.

4.4.3. PROFILE GENERATION (3030).

Permite generar un perfil único o completo según la combinación de análisis de perfiles deseados.

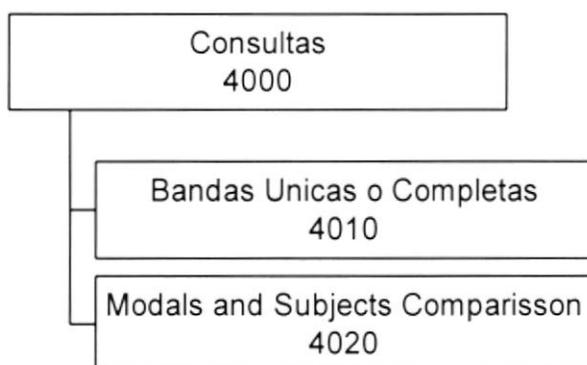
4.4.4. MODALS AND SUBJECTS COMPARISSON (3040).

Permite realizar una comparación entre un análisis de un perfil específico, identificándolo como Patron, y con otro identificando como Blancos, los blancos pueden ser varios análisis de diferentes perfiles pero del mismo Primer.

4.4.5. COMPARISSON AMONG GENERATION ANALYSIS (3050).

Permite realizar la identificación de un perfil deseado, ingresando una familia específica e indicando si es banda completa o única. La comparación se la realiza con todas las bandas finales de las familias que estén grabadas en la base de datos del sistema.

4.5. QUEY (4000).



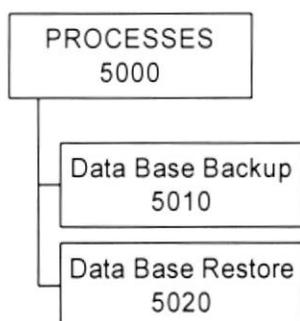
4.5.1. PROFILE GENERATION QUERY (4010).

Permite realizar una consulta de todas las bandas únicas o completas de las familias realizadas anteriormente, cada comparación esta identificada con una secuencia unica.

4.5.2. MODALS AND SUBJECTS COMPARISSON (4020).

Permite consultar una comparación Patron Vs. Blancos, realizada anteriormente cada comparación esta identificada con un secuencial unico.

4.6. PROCESSES (5000).



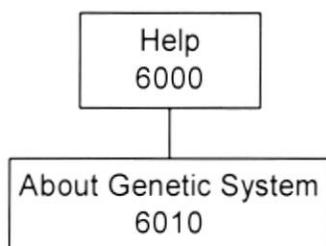
4.6.1. DATA BASE BACKUP (5010).

Permite realizar el respaldo a la base de datos. El respaldo se lo hace copiando la base de datos que se encuentra en el disco local hacia un directorio de un servidor específico.

4.6.2. DATA BASE RESTORE (5020).

Permite realizar una restauración de un respaldo de la base de datos.

4.7. HELP (6000).



4.7.1. ABOUT GENETIC SYSTEM

Da información del sistema y la penalización de los derechos del autor por su distribución no autorizada.



CAPÍTULO 5.

ESTANDARIZACIONES

5. ESTANDARIZACIONES.

5.1. FORMATO PARA ALMACENAMIENTO DE INFORMACIÓN.

5.1.1. NOMBRE DE BASE DE DATOS.



5.1.2. NOMBRE DE LA TABLAS.



Tipo de tabla:

T = Transacción.

M = Maestra.

H = Histórico.

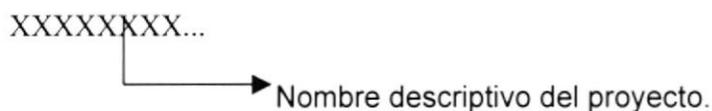
P = Parámetro.

5.1.3 NOMBRE DE CAMPOS.



5.2. FORMATOS PARA VARIABLES DEL SISTEMA.

5.2.1. NOMBRE DEL PROYECTO.



5.2.2. NOMBRE LÓGICO Y FISICO DE LAS FORMAS.



Tipo de forma:

M = Mantenimiento.

C = Consultas.

R = Reportes.

P = Procesos.

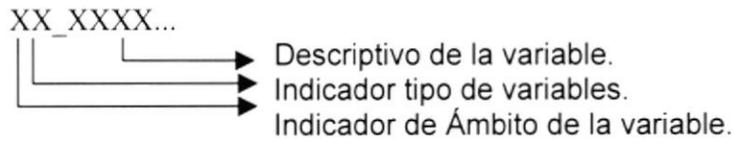
El formato del Nombre lógico:

El nombre lógico es igual al nombre físico.

5.2.3 NOMBRE DE CONTROLES.

| Abreviatura | Control | Abreviatura | Control |
|-------------|-----------------------|-------------|-----------------------|
| chk | check box | cbo | combo y drop-list box |
| cmd | command button | dir | dir list box |
| drv | drive list box | fil | file list box |
| Frm | Form | Fra | frame |
| hsb | horizontal scroll bar | Img | image |
| lbl | label | lin | line |
| Lst | List | Mnu | Menu |
| Opt | option button | Pct | pictureBox |
| Shp | Shape | Txt | text edit box |
| Tmr | Timer | Vsb | vertical scroll bar |

5.2.4. NOMBRE DE VARIABLES.



Indicador tipo de variables:

- L = Local.
- G = Global.

Indicador de Ámbito de la variable:

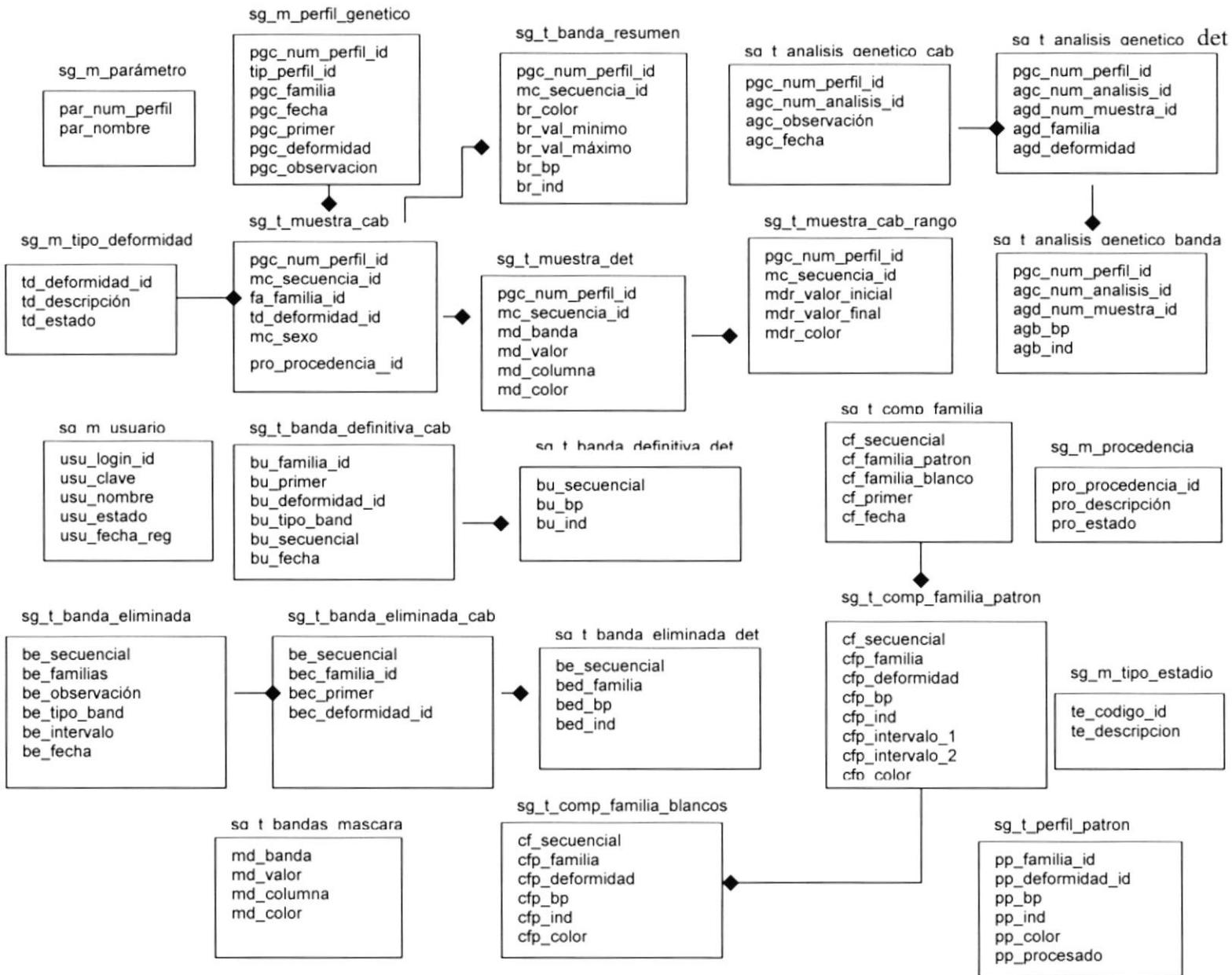
- S = String
- C = Currency.
- M = Money.
- I = Integer.
- M = Smallint.
- D = Date.



CAPÍTULO 6.

MODELO ENTIDAD / RELACIÓN

6. MODELO ENTIDAD / RELACION.





CAPÍTULO 7.

DISEÑO DE LOS ARCHIVOS

7. DISEÑO DE ARCHIVOS

7.1. TABLAS MAESTRAS.

7.1.1. TABLA DE PARÁMETROS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|----------------|---|-------------------------|--|-------------------------------|-------------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_parámetro | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Contiene la secuencia del perfil que se ingresa al sistema. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | par_num_perfil | Num | 6 | Número del Perfil | ✓ | | No |
| | par_nombre | Text | 20 | Descripción del Parámetro | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.2. TABLA DE PERFILES.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|-------------------|---|-------------------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_perfil_genetico | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Perfiles con bandas bases. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Número de perfil | ✓ | | No |
| | tip_perfil_id | Text | 2 | Tipo de perfil | | | No |
| | pgc_familia | Text | 50 | Código de la familia. | | | No |
| | pgc_fecha | Date | 8 | Fecha del ingreso | | | No |
| | pgc_primer | Num | 3 | Número del Primer | | | No |
| | pgc_deformidad | Text | 50 | Código deformidad | | ✓ | No |
| | pgc_observacion | Text | 100 | Observación | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.3. TABLA DE CÓDIGOS DE PROCEDENCIAS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|--------------------|------------------------------------|-------|-------------------------------------|---|-------------------------------|------|
| | | | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_procedencia | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Códigos de la diferencias procedencias de las muestras. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pro_procedencia_id | Text | 3 | Cód. procedencia | ✓ | | No |
| | pro_descripción | Text | 40 | Descripción | | | No |
| | pro_estado | Text | 1 | Estado | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.4. TABLA RANGOS BASES.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|--|------------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_rango_base | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Rangos bases para los colores que corresponde las bandas. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | rb_rango_num_id | Num | 6 | Cód. Rango | ✓ | | No |
| | rb_valor_inicial | Num | 18 | Valor inicial | | | No |
| | rb_valor_final | Num | 18 | Valor final | | | No |
| | rb_color | Num | 6 | Código del Color | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.5. TABLA CÓDIGOS DE DEFORMIDADES.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|---|------------------|------------------------------------|-------|---|----|-------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_tipo_deformidad | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Códigos de las deformidades de los animales. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | td_deformidad_id | Text | 2 | Cód. Deformidad | ✓ | | No |
| | td_descripción | Text | 40 | Descripción | | | No |
| | td_estado | Text | 50 | Estado | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.6. TABLA TIPOS DE ESTADIOS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | | Página 1 de 1 | | |
|---|----------------|------------------------------------|-------|---|---------------|-------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_tipo_estadio | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Códigos de tipos de estadios | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | te_codigo_id | Text | 2 | Cód. Estadios | ✓ | | No |
| | te_descripcion | Text | 40 | Descripción | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.1.7. TABLA DE USUARIOS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | | Página 1 de 1 | | |
|--|---------------|---|-------|-------------------------------------|---------------|-------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_m_usuario | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Maestra | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Usuarios del sistema. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | usu_login_id | Text | 10 | Login del usuario | ✓ | | No |
| | usu_clave | Text | 10 | Clave del usuario | | | No |
| | usu_nombre | Text | 50 | Nombre del usuario | | | No |
| | usu_estado | Text | 1 | Estado | | | No |
| | usu_fecha_reg | Text | 50 | Fecha de ingreso | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2. TABLAS TRANSACCIONALES.

7.2.1 TABLA DE BANDAS DE LOS ANÁLISIS GENÉTICOS

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|---|---------------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_análisis_genetico_banda | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Bandas de los análisis genéticos. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 6 | Número del Perfil | ✓ | ✓ | No |
| | agc_num_análisis_id | Num | 6 | Número Análisis | ✓ | | No |
| | agd_num_muestra_id | Num | 6 | Núm. de muestra | | | No |
| | agb_bp | Num | 6 | Valor BP | | | No |
| | agb_ind | Num | 6 | Valor IND | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.2 TABLA ANÁLISIS GENÉTICO CABECERA.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|--|---------------------|------------------------------------|---|-------------------|-------------------------------|----|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_análisis_genetico_cab | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Análisis geneticos cabecera. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Número del Perfil | ✓ | ✓ | No |
| | agc_num_análisis_id | Num | 4 | Núm. del Análisis | ✓ | ✓ | No |
| | agc_observación | Text | 50 | Observación | | | No |
| | agc_fecha | Date | 8 | Fecha | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.3 TABLA ANÁLISIS GENÉTICO DETALLE.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|---------------------|---|-------------------------------------|-----------------|-------------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_análisis_genetico_det | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Bandas detalles de los análisis genéticos. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Número Perfil | ✓ | ✓ | No |
| | agc_num_análisis_id | Num | 4 | Número análisis | ✓ | | No |
| | agd_num_muestra_id | Num | 4 | Núm. de Muestra | ✓ | | No |
| | agd_familia | Text | 30 | Familia. | | | No |
| | agd_deformidad | Text | 2 | Deformidad | | ✓ | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.4. TABLA BANDAS DEFINITIVAS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|--|------------------|---|-------------------------------------|-------------------------------|----|-------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_definitiva_cab | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Tablas de bandas definitivas cabecera (Unicas/Completas). | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | bu_familia_id | Text | 30 | Familia | ✓ | | No |
| | bu_primer | Text | 3 | Número Primer | | | No |
| | bu_deformidad_id | Text | 2 | Cód. Deformidad | | ✓ | No |
| | bu_tipo_band | Text | 1 | Tipo banda | | | No |
| | bu_secuencial | Num | 6 | Secuencia | ✓ | | No |
| | bu_fecha | Date | 8 | Fecha | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.5. TABLA BANDAS DEFINITIVAS DETALLES.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|---------------|---|-------------------------------------|---------------|-------------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_definitiva_det | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Bandas definitivas detalles después del proceso de eliminación de bandas comunes. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | bu_secuencial | Num | 6 | Secuencia | ✓ | | No |
| | bu_bp | Num | 6 | Valor bp | | | No |
| | bu_ind | Num | 6 | Valor ind | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.6 TABLA BANDAS ELIMINADAS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|----------------|---|-------------------------------------|-----------------------|-------------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_eliminada | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Tabla cabecera de las diferentes eliminaciones de bandas. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | be_secuencial | Num | 6 | Secuencial | ✓ | | No |
| | be_familias | Text | 100 | Familia | | | No |
| | be_observación | Text | 200 | Observación | | | No |
| | be_tipo_band | Text | 1 | Tipo de banda | | | No |
| | be_intervalo | Num | 4 | Intervalo usado | | | No |
| | be_fecha | Date | 8 | Fecha de eliminación. | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.7. TABLA BANDA ELIMINADAS CABECERA.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|---|-------------------|---|-------------------------------------|-----------------|-------------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_eliminada_cab | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Sub cabecera de la eliminación de bandas comunes o completa. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | be_secuencial | Num | 6 | Secuencial | ✓ | | No |
| | bec_familia_id | Text | 30 | Familia | | | No |
| | bec_primer | Text | 3 | Número Primer | | | No |
| | bec_deformidad_id | Text | 2 | Cód. Deformidad | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.8 TABLA BANDAS ELIMINADAS DETALLE.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|---------------|------------------------------------|-------|---|----|-------------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_eliminada_det | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Detalle de las bandas de la eliminación. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | be_secuencial | Num | 6 | Secuencial | ✓ | | No |
| | bed_familia | Text | 30 | Familia | | | No |
| | bed_bp | Num | 6 | Valor del bp | | | No |
| | bed_ind | Num | 6 | Valor ind | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.9 TABLA RESÚMENES DE BANDAS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|---|-------------------|------------------------------------|------------------------------|-----------------|------------------------|----|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_banda_resumen | | Base de datos dbGenetica | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | | |
| Descripción: Resúmenes de las bandas | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Número Perfil | ✓ | ✓ | No |
| | mc_secuencia_id | Num | 4 | Secuencial | | ✓ | No |
| | br_color | Num | 4 | Valor del Color | | | No |
| | br_val_minimo | Num | 4 | Valor minimo | | | No |
| | br_val_máximo | Num | 6 | Valor Maximo | | | No |
| | br_bp | Num | 6 | Valor bp | | | No |
| | br_ind | Num | 6 | Valor ind | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.10. TABLA DE MÁSCARA DE BANDAS

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|--|------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_bandas_mascara | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Para realizar una mascara en la forma de presentar las bandas | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | md_banda | Num | 4 | Número Banda | ✓ | | No |
| | md_valor | Num | 6 | Valor | | | No |
| | md_columna | Num | 6 | Número columna | | | No |
| | md_color | Num | 4 | Valor del color | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.11. TABLA DE COMPARACIÓN ENTRE PATRÓN Y BLANCOS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|--|-------------------|-----------------------------|-------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_comp_familia | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Contiene las comparaciones realizadas entre bandas patron Vs. Blancos | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | cf_secuencial | Num | 6 | Secuencial | ✓ | | No |
| | cf_familia_patron | Text | 60 | Familia Patron | | | No |
| | cf_familia_blanco | Text | 100 | Familia Blancos | | | No |
| | cf_primer | Text | 3 | Número de Primer | | | No |
| | cf_fecha | Date | 8 | Fecha de la comparación. | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.12 TABLA COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|---|-----------------|-----------------------------|-------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_comp_familia_patron | | Base de datos DbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Bandas identificadas como Patron para la comparación de Patron Vs. Blancos | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | cf_secuencial | Num | 6 | Secuencial | ✓ | ✓ | No |
| | cfp_familia | Text | 50 | Familia | | | No |
| | cfp_deformidad | Text | 2 | Cód. Deformidad | | ✓ | No |
| | cfp_bp | Num | 6 | Valor bp | | | No |
| | cfp_ind | Num | 6 | Valor Ind | | | No |
| | cfp_intervalo_1 | Num | 4 | Val. Ini. Intervalo | | | No |
| | cfp_intervalo_2 | Num | 4 | Val. Fin. Intervalo | | | No |
| | cfp_color | Num | 4 | Valor del color | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.13. TABLA CABECERA DE LAS BANDAS BASES CON RELACIÓN A UN PERFIL.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|---|--------------------|------------------------------------|------------------------------|------------------------|----|------------------------|------|
| Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_muestra_cab | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Cabecera de bandas bases de un perfil. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Perfil | ✓ | | No |
| | mc_secuencia_id | Num | 4 | Secuencial | ✓ | | No |
| | fa_familia_id | Text | 20 | Familia | | | No |
| | td_deformidad_id | Text | 2 | Cód. Deformidad | | ✓ | No |
| | mcsexo | Text | 1 | Sexo o tipo | | | No |
| | pro_procedencia_id | Text | 2 | Cód. Procedencia | | ✓ | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.14. TABLA RANGOS DE VALORES DE MUESTRA DE RANGO.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|--|-------------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_muestra_cab_rango | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Rango de valores utilizados para la coloración de las bandas. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Perfil | ✓ | | No |
| | mc_secuencia_id | Num | 4 | Secuencial | | | No |
| | mdr_valor_inicial | Num | 6 | Valor Inicial | | | No |
| | mdr_valor_final | Num | 6 | Valor final | | | No |
| | mdr_color | Num | 4 | Valor del Color | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.15. TABLA DE BANDAS BASES DE UN PERFIL.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | | |
|---|-------------------|-----------------------------|------------------------------|------------------------------------|----|------------------------|------|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_muestra_det | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Bandas bases correspondiente a una muestra de un perfil. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pgc_num_perfil_id | Num | 4 | Perfil | ✓ | ✓ | No |
| | mc_secuencia_id | Num | 4 | Secuencial | ✓ | ✓ | No |
| | md_banda | Num | 4 | Número de Banda | ✓ | | No |
| | md_valor | Num | 6 | Valor de banda | | | No |
| | md_columna | Num | 6 | Número Columna | | | No |
| | md_color | Num | 4 | Valor de Color | | | No |
| Observación: | | | | | | | |

7.2.16. TABLA BANDAS PATRONES PARA COMPARACIÓN PATRÓN VS. BLANCOS.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | | | Página 1 de 1 | | | |
|---|------------------|------------------------------------|-------|-------------------------------------|---|-------------------------------|------|
| | | | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | |
| Nombre de la Tabla: sg_t_perfil_patron | | Base de datos dbGenetica | | Tipo: Transaccional | | Long. Reg: 20 bytes | |
| Descripción: Bandas generadas para comparar Patron Vs. Blancos. | | | | | | | |
| DESCRIPCIÓN DEL REGISTRO | | | | | | | |
| No. | NOMBRE | TIPO | LONG. | DESCRIPCIÓN | PK | FK | NULO |
| | pp_familia_id | Text | 30 | Familia | ✓ | | No |
| | pp_deformidad_id | Text | 2 | Deformidad | ✓ | | No |
| | pp_bp | Num | 6 | Valor bp | | | No |
| | pp_ind | Num | 6 | Valor ind | | | No |
| | pp_color | Num | 6 | Valor de Color | | | No |
| | pp_procesado | Text | 1 | Cód. Procesado | | | No |
| Observación: | | | | | | | |



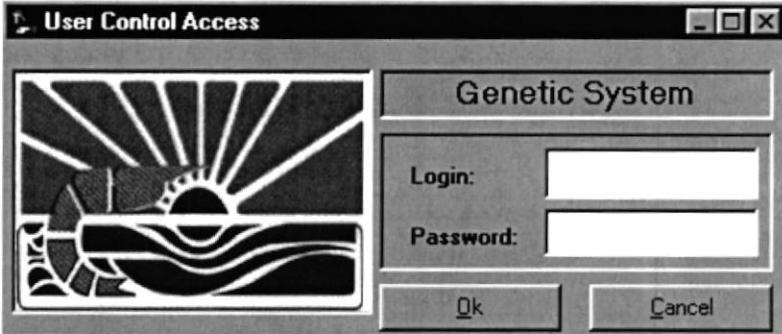
CAPÍTULO 8.

DISEÑO DE ENTRADAS Y SALIDAS

8. DISEÑO DE ENTRADAS Y SALIDAS.

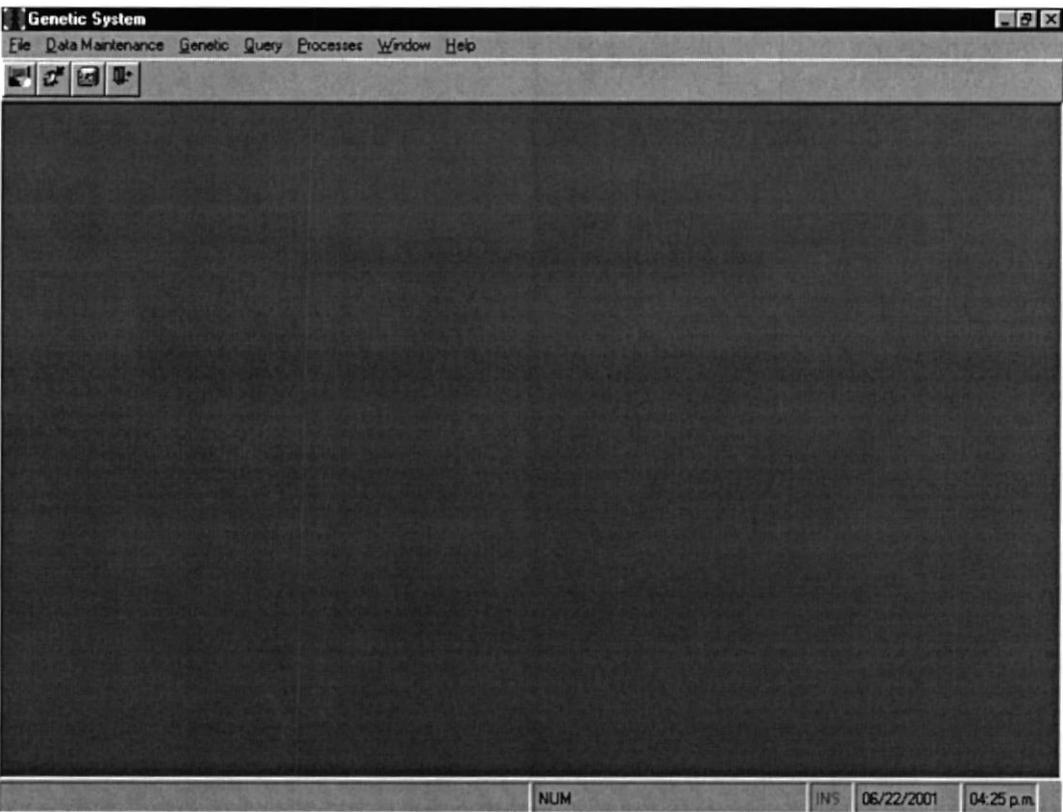
8.1. DISEÑO DE PANTALLAS.

8.1.1. CONTROL DE ACCESO AL SISTEMA.

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_login.frm | Descripción: Ingreso al sistema. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |
|  | | |
| Observaciones: Permite ingresar al sistema ingresando un login y password. | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_login.frm | | Descripción: Ingreso al sistema. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| txtusuario | TextBox | 10 | Código del usuario. |
| txtclave | ToolBar | 10 | Clave de usuario. |
| Observaciones: | | | |

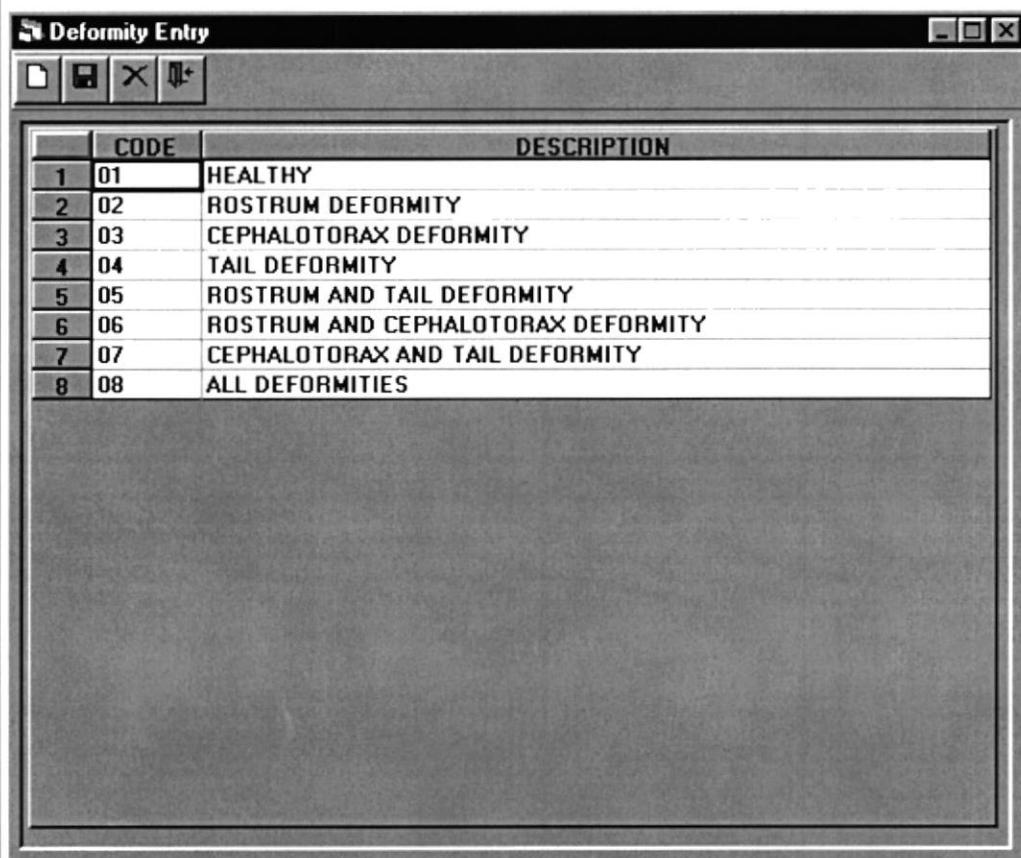
8.1.2. MENÚ PRINCIPAL DEL SISTEMA.

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_MDI_Principal.frm | Descripción: Menú principal del sistema. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |
|  | | |
| Observaciones: Permite agrupar todas las opciones que tiene el sistema de genética. | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|--|-----------------------------|--|--|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_MDI_Principal.frm | | Descripción: Menú principal del sistema. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| tlb_barra_principal sta_bar | ToolBar Panel Control | - - | Barra de herramientas de ayuda Información de la sesión actual. |
| Observaciones: | | | |

8.1.3. MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES.

| | | | |
|---|--|---|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: Sg_m_deformidad.frm | | Descripción: Mantenimiento de Deformidades. | |

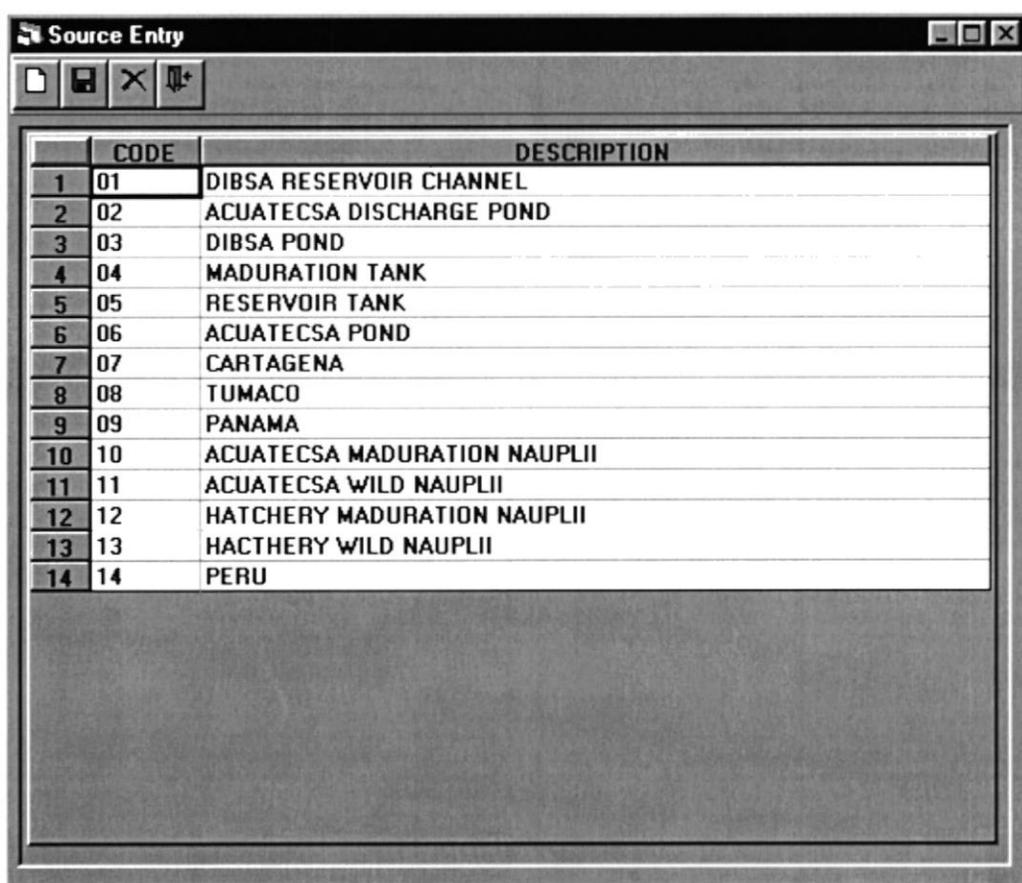
DISEÑO FORMATO PANTALLAS**Observaciones:**

Permite dar mantenimiento a los códigos de las diferentes deformidades que se usan para registrar los perfiles en el sistema de genética. Permitiendo agregar actualizar o eliminar códigos.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------|---|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: Sg_m_deformidad.frm | | Descripción: Mantenimiento de Deformidades. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Formato | Descripción |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Grabar | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Eliminar | Button | - | Elimina el registro o fila actual. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.4. MANTENIMIENTO DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS.

| | | |
|---|---|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización : 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: Sg_m_origenes.frm | Descripción: Mantenimiento de Orígenes. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |



The screenshot shows a window titled "Source Entry" with a standard toolbar. Below the toolbar is a table with two columns: "CODE" and "DESCRIPTION". The table contains 14 rows of data, numbered 1 through 14 in the first column.

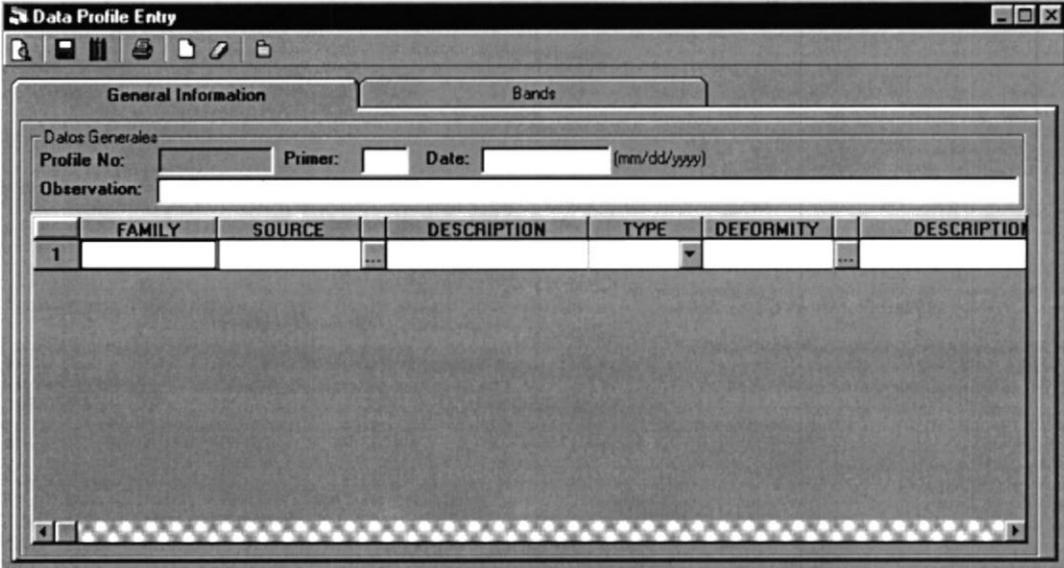
| | CODE | DESCRIPTION |
|----|------|------------------------------|
| 1 | 01 | DIBSA RESERVOIR CHANNEL |
| 2 | 02 | ACUATECSA DISCHARGE POND |
| 3 | 03 | DIBSA POND |
| 4 | 04 | MADURATION TANK |
| 5 | 05 | RESERVOIR TANK |
| 6 | 06 | ACUATECSA POND |
| 7 | 07 | CARTAGENA |
| 8 | 08 | TUMACO |
| 9 | 09 | PANAMA |
| 10 | 10 | ACUATECSA MADURATION NAUPLII |
| 11 | 11 | ACUATECSA WILD NAUPLII |
| 12 | 12 | HATCHERY MADURATION NAUPLII |
| 13 | 13 | HATCHERY WILD NAUPLII |
| 14 | 14 | PERU |

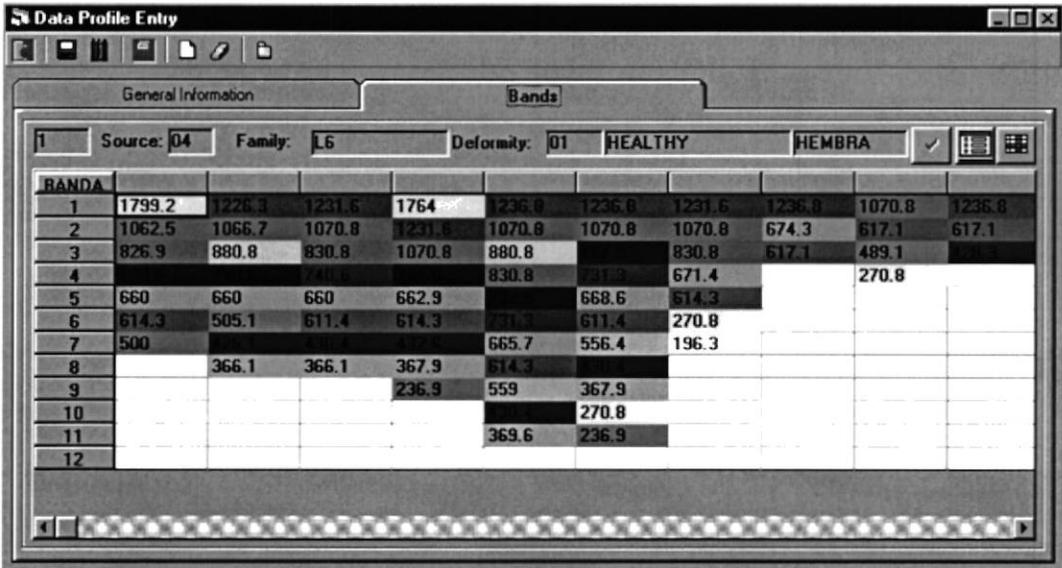
Observaciones:

Permite dar mantenimiento a los códigos de los orígenes o procedencia de donde provienen la muestra de un animal o animales.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---|---|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_origenes.frm | | Descripción: Mantenimiento de orígenes. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| tlb_herramienta Nuevo Grabar Eliminar Salir | ToolBar Button Button Button Button | - - - - - | Barra de herramientas. Ingresa un nuevo registro. Graba los registros actuales. Elimina el registro o fila actual. Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.5. REGISTRO DE PERFIL BASE.

| | | | |
|---|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 3 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm | | Descripción: Ingreso de perfil base. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| <p>Observaciones: Permite ingresar al sistema un perfil nuevo, con las diferentes grupos de bandas (muestras), las misma clasificando las por sexo, larvas y padres. Permite ingresar los rangos de valores clasificado por un color para poder generar análisis genéticos.</p> | | | |

| | | | |
|---|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 3 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm | | Descripción: Ingreso de perfil base. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| Observaciones: Muestra las bandas de cada familia(muestra) que se ingresa al perfil. | | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 3 de 3 | |
|--|---------------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm | | Descripción: Ingreso de perfil base. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Lbiqueta(5) | label | 3 | Número del perfil. |
| Txtcabecera(4) | TextBox | 3 | Primer. |
| mskFecha | maskedTextBox | 10 | Fecha del perfil |
| Txtcabecera(5) | TextBox | 100 | Observación del perfil. |
| sp_muestra | Spread | - | Registra las muestra del perfil. |
| sp_Archivo | Spread | - | Registra las bandas de las |
| cmdarchivo_tmp | commandbutton | - | muestras |
| cmbRangos | commandbutton | - | Graba el archivo actual del perfil. |
| cmdmascara | commandbutton | - | Muestra los rangos utilizado para |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | la generación de resúmenes. |
| Nuevo | Button | - | Mascara para las bandas |
| Grabar | Button | - | Barra de herramientas. |
| Eliminar | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Salir | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Elimina el registro o fila actual. | | | |
| Salir de la pantalla | | | |
| Observaciones: | | | |

8.1.6. GENERACIÓN DE RESÚMENES DE BANDAS

| | | | |
|---|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_resumen_análisis.frm | | Descripción: Generar análisis genéticos. | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS

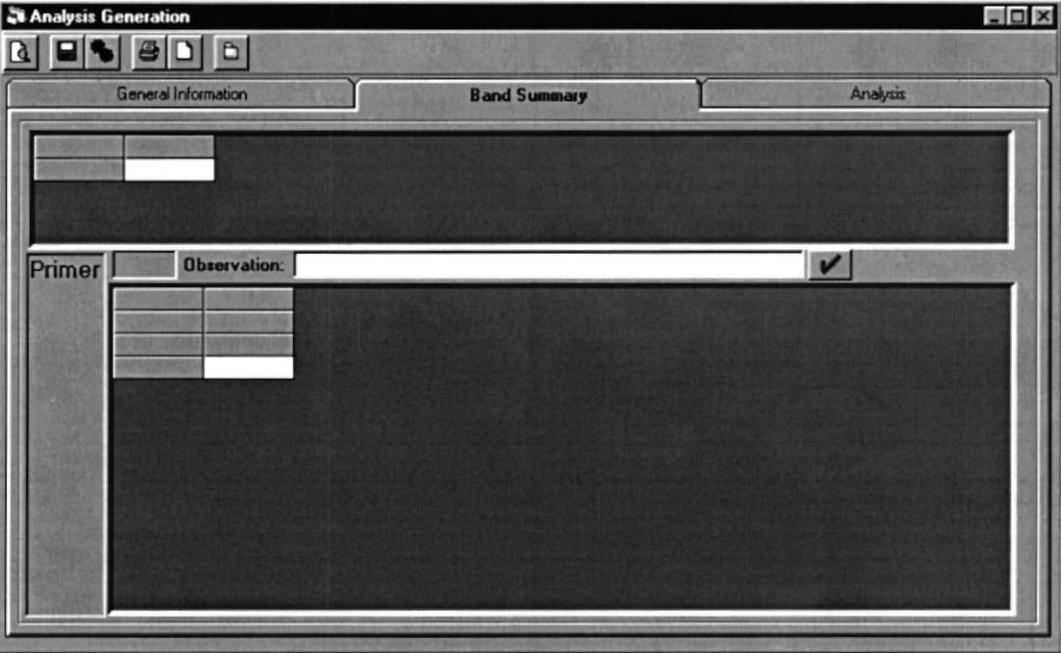
The screenshot shows a software window titled "Analysis Generation". It has three tabs: "General Information", "Band Summary", and "Analysis". The "General Information" tab is selected. Inside this tab, there is a "General Data" section with the following fields:

- Profile No: [text box]
- PRIMER: [checkbox]
- Date: [text box] (mm/dd/yyyy)
- Observation: [text box]

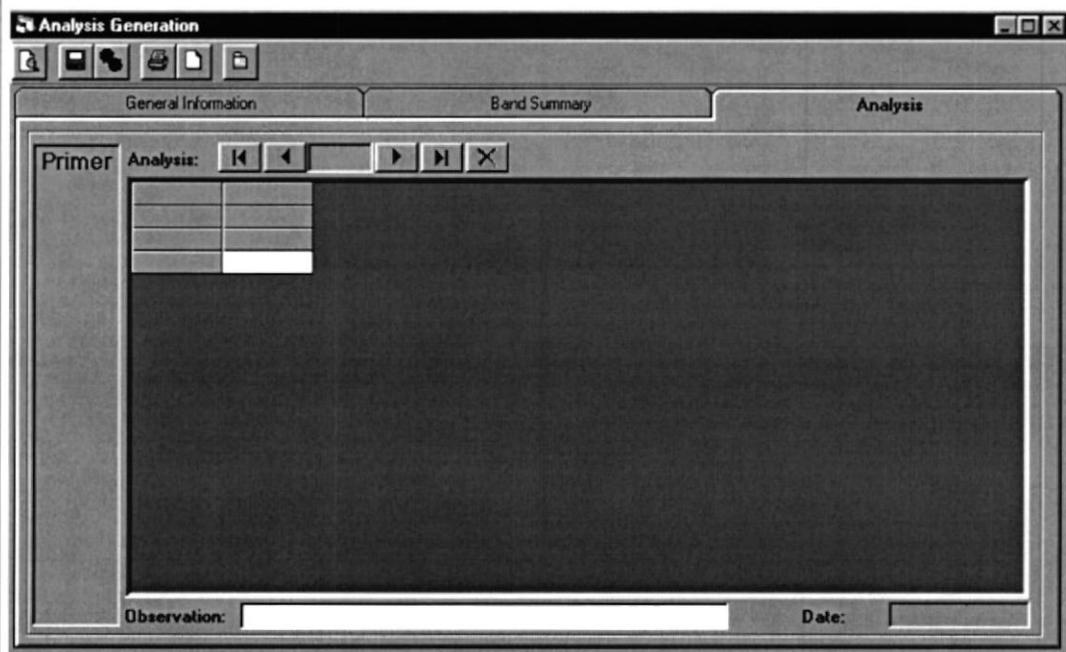
Below the "General Data" section is a table with the following columns: FAMILY, SOURCE, DESCRIPTION, TYPE, DEFORMITY, and DESCRIPTION. The first row contains the value "1" in the FAMILY column and "NINGUNO" in the TYPE column. The rest of the table is empty.

Observaciones:

Permite realizar resumen de las familias(muestras con sus grupos de bandas de los perfiles) ingresados para combinarlos y generar análisis por perfil.

| | | | |
|--|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 4 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_resumen_análisis.frm | | Descripción: Generar análisis genéticos. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| <p>Observaciones: Muestra el resumen de las bandas seleccionadas, creando el análisis para grabarlo al perfil seleccionado.</p> | | | |

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 3 de 4 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_resumen_análisis.frm | Descripción: Generar análisis genéticos. | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS**Observaciones:**

Muestra todos los análisis generados del perfil.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 4 de 4 | |
|--|---------------|---|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_resumen_análisis.frm | | Descripción: Generar análisis genéticos. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Grdresultado | Grid | - | Grid para resumen de cada muestra |
| Lbletiqueta(5) | label | 3 | Número del perfil. |
| Txtcabecera(4) | TextBox | 3 | Primer. |
| mskFecha | maskEdBox | 10 | Fecha del perfil. |
| Txtcabecera(5) | TextBox | 100 | Observación del perfil. |
| sp_muestra | Spread | - | Registra las muestra del perfil. |
| sp_Archivo | Spread | - | Registra las bandas de las muestras. |
| cmdarchivo_tmp | commandbutton | - | Graba el archivo actual del perfil. |
| cmbRangos | commandbutton | - | Muestra los rangos utilizado para la generación de resúmenes. |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Grabar | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Eliminar | Button | - | Elimina el registro o fila actual. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Txtcabecera(0) | TextBox | 50 | Observación del análisis. |
| grdresultado_final | Grid | - | Resultado del análisis. |
| grdAnálisis | Grid | - | Contiene todos los análisis |
| cmdAnálisis(4) | Commandbutton | - | Va al inicio de los análisis del perfil |
| cmdAnálisis(0) | commandbutton | - | Retrocede un análisis. |
| cmdAnálisis(1) | commandbutton | - | Consulta el Siguiete análisis. |
| cmdAnálisis(3) | commandbutton | - | Va al final de los análisis. |
| cmdAnálisis(2) | commandbutton | - | Elimina el análisis actual. |
| Observaciones: | | | |

8.1.7. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

| | | | |
|--|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_bandas_Únicas.frm | | Descripción: Generar Bandas Únicas / Completas | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
| | | | |
| Observaciones: | | | |
| Permite generar las bandas finales tanto únicas como completas desde una o varios análisis de un perfil específico, agrupándolo por familia. | | | |

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 2 de 3 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_bandas_Únicas.frm | Descripción: Generar Bandas Únicas / Completas | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS

The screenshot shows the 'Profile Generation' window with the 'Unique Bands' tab selected. The 'Intervals' field is set to 30 and 'Observation' is empty. The 'UNIQUE' dropdown is set to 'UNIQUE'. The table below displays the generated bands for four profiles: L5 (P-235), L5 (A-1), L6 (P-236), and L6 (A-2).

| | (P-235) | (A-1) | (P-235) | (A-2) | (P-236) | (A-1) | (P-236) | (A-2) |
|----|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| L5 | | | L5 | | L6 | | L6 | |
| | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY |
| bp | ind% | bp | ind% | bp | ind% | bp | ind% | |
| | 1176.65 | 75 | 1130 | 80 | 1781.6 | 20 | 1680.65 | 40 |
| | 1086.1 | 50 | 900 | 20 | 1231.55 | 80 | 1036.5 | 40 |
| | 1011.15 | 37 | 873.05 | 30 | 1066.65 | 80 | 954.85 | 20 |
| | 976.35 | 37 | 828.85 | 60 | 880.8 | 20 | 900.45 | 20 |
| | 947.35 | 25 | 755.15 | 50 | 828.85 | 40 | 805.45 | 80 |
| | 859.1 | 87 | 703.75 | 30 | 789.05 | 50 | 690 | 30 |
| | 802.45 | 75 | 635.95 | 100 | 735.95 | 30 | 646.25 | 40 |
| | 732.6 | 37 | 575.7 | 20 | 667.15 | 80 | 625 | 80 |
| | 694.65 | 87 | 547.15 | 60 | 614.25 | 90 | 578.4 | 40 |
| | 637.5 | 100 | 505.7 | 80 | 557.7 | 20 | 550 | 40 |
| | 566.65 | 50 | 447.7 | 90 | 497.1 | 30 | 484.3 | 20 |
| | 516.65 | 87 | 343.15 | 100 | 429.35 | 60 | 443.15 | 40 |
| | 465.7 | 25 | 295.35 | 40 | 367.85 | 50 | 409.8 | 30 |
| | 438.55 | 50 | 245.35 | 30 | 270.8 | 30 | 368.5 | 20 |

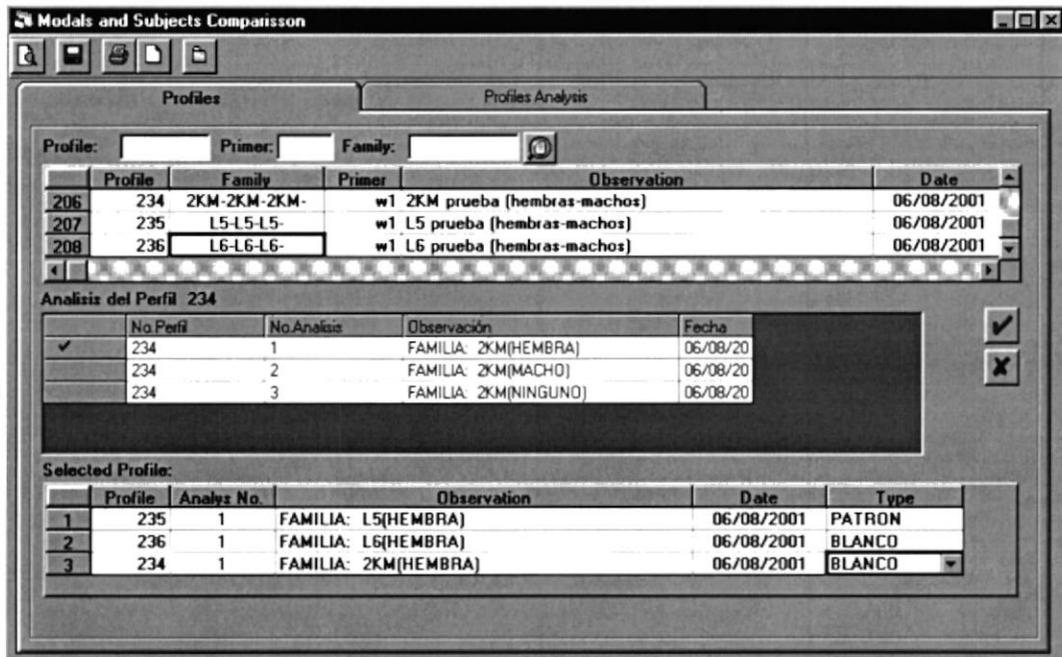
Observaciones:

Muestra todas las bandas de los diferentes análisis de los perfiles deseados, para poder realizar la eliminación de bandas comunes y grabarlas como únicas o completas.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|--|---------------|--|--|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_bandas_Únicas.frm | | Descripción: Generar Bandas Únicas / Completas | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Txtcampo(2) | TextBox | 3 | Número de primer |
| Txtcampo(3) | TextBox | 3 | Número de perfil |
| Txtcampo(1) | TextBox | 5 | Codigo Familia |
| CmdConsPerfil(3) | commandbutton | - | Consulta de los perfiles. |
| sp_perfiles | Spread | - | Perfiles existentes |
| grdanálisis_perfil | Grid | - | Análisis del perfil |
| sp_Análisis_Seleccionados | Soread | - | Análisis Perfil seleccionado. |
| txtIntervalo | TextBox | - | Intervalo utilizado para la comparación. |
| txtObservacion | TextBox | - | Observación. |
| optTipo | ComboBox | - | Tipo Única / Completa |
| cmdEliminar | Commandbutton | - | Ejecuta la eliminación de bandas comunes. |
| grdBandas_Comunes | Grid | - | Bandas Comunes. |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Grabar | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Eliminar | Button | - | Elimina el registro o fila actual. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.8. COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 3 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_ban_com_familia.frm | Descripción: Comparación de bandas comunes | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS**Observaciones:**

Permite compara cuales son las bandas comunes entre una familia identificado como patrón Vs. Varias familias seleccionadas (Blancos)
Permitiendo grabar esta comparación, identificándola con un secuencial.

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 2 de 3 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_ban_com_familia.frm | Descripción: Comparación de bandas comunes | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |

Observaciones:

Muestra todas las bandas de las familias identificadas como Patrón(Model) Vs, las bandas de las familias Blancos (Subjects).

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 3 de 3 | |
|--|---------------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_ban_com_familia.frm | | Descripción: Comparación de bandas comunes | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Txtcampo(2) | TextBox | 3 | Número de primer |
| Txtcampo(3) | TextBox | 3 | Número de perfil |
| Txtcampo(1) | TextBox | 5 | Código Familia |
| CmdConsPerfil(3) | Commandbutton | - | Consulta de los perfiles. |
| sp_perfiles | Spread | - | Perfiles existentes |
| grdanálisis_perfil | Grid | - | Análisis del perfil |
| sp_Análisis_Seleccionados | Soread | - | Análisis Perfil seleccionado. |
| txtIntervalo | TextBox | 3 | Intevalo utilizado para la comparación. |
| txtObservacion | TextBox | 20 | Observación. |
| optTipo | ComboBox | - | Tipo Única / Completa |
| cmdComparar | Commandbutton | - | Ejecuta la comparación de bandas comunes. |
| spBandas_Comunes_1 | Spread | - | Banda patrón. |
| grdBandas_Comunes | Grid | - | Bandas Blancos |
| tib_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Grabar | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Eliminar | Button | - | Elimina el registro o fila actual. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.9. IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES.

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_comparacion_bandas.frm | Descripción: Identifica a que familia pertenece una familia ingresada como muestra | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS

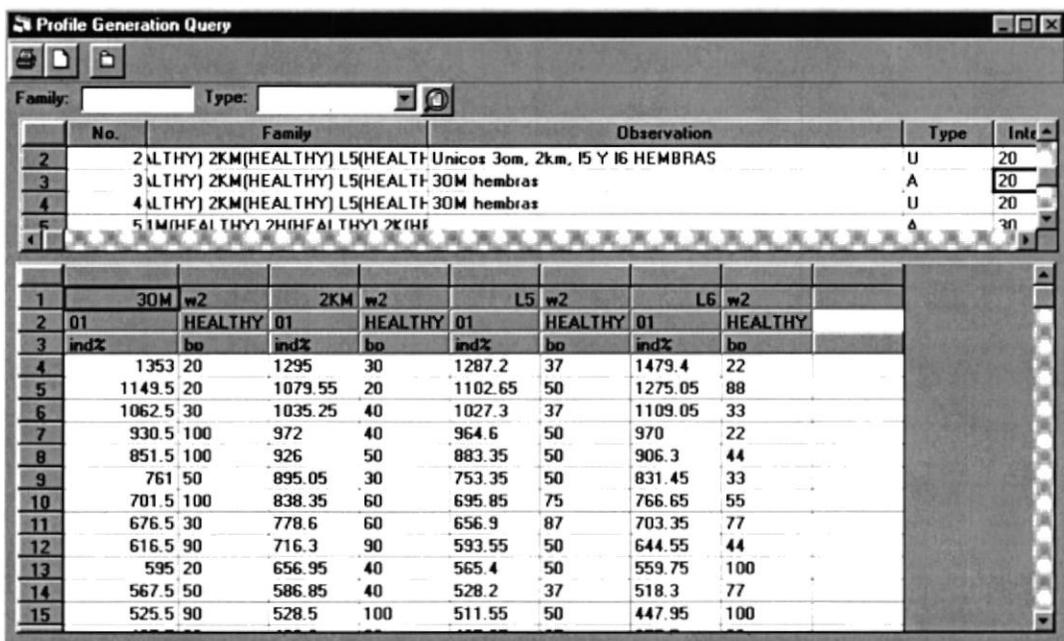
| Profile to Compare | | | | Compatible Profile / Common | | | | | |
|--------------------|---------|---------|----|-----------------------------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | | | | 1M | | 2H | | 2K | |
| | | | | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY |
| | bp | ind% | >= | bp | ind% | bp | ind% | bp | ind% |
| 1 | L6 | | | | | | | | |
| 2 | 01 | HEALTHY | | | | | | | |
| 3 | bp | ind% | >= | 151.45 | 3 | 165.1 | 10 | 190.25 | |
| 4 | 1479.4 | 22 | 30 | 210.2 | 3 | 194.2 | 10 | 254.65 | |
| 5 | 1275.05 | 88 | 30 | 260.2 | 9 | 229.35 | 25 | 303.3 | |
| 6 | 1109.05 | 33 | 30 | 308.3 | 3 | 642.5 | 10 | 365.15 | |
| 7 | 970 | 22 | 30 | 338.1 | 7 | 1257.15 | 10 | 439.3 | |
| 8 | 906.3 | 44 | 30 | 383.35 | 7 | | | 462.5 | |
| 9 | 831.45 | 33 | 30 | 482.8 | 7 | | | 506.5 | |
| 10 | | | 30 | 531.08 | 8 | | | 541.3 | |
| 11 | | | 30 | 567.25 | 9 | | | 569.6 | |
| 12 | 644.55 | 44 | 30 | 606.8 | 7 | | | 622.2 | |
| 13 | 559.75 | 100 | 30 | 625 | 3 | | | 663.9 | |
| 14 | 518.3 | 77 | 30 | | | | | | |
| 15 | 447.95 | 100 | 30 | | | | | 810.4 | |
| 16 | | | 30 | 1340.95 | 3 | | | 865.65 | |
| | | | | | | | | 996.65 | |
| | | | | | | | | 1353.85 | |

Observaciones:

Permite ingresar una muestra o familia para identificar con que familia es compatible identificando si la comparación se realizará Únicos Vs. Completos, Únicos Vs. Únicos, Completos Vs. Completos, Completos Vs. Únicos..
Permitiendo grabar esta comparación, identificándola con un secuencial.

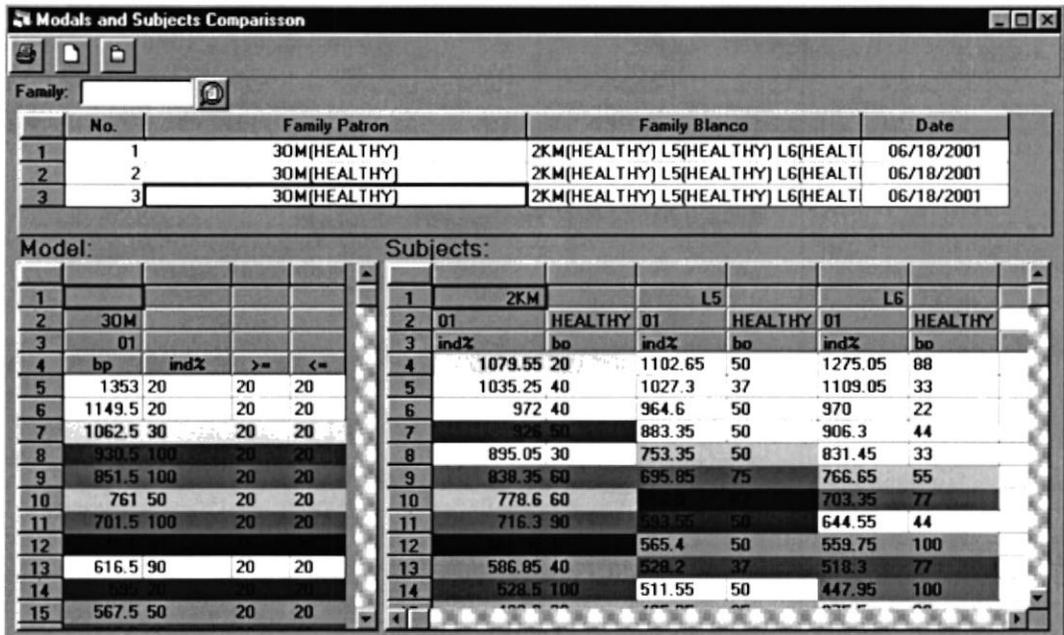
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------------|--|--|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_comparacion_bandas.frm | | Descripción: Identifica a que familia pertenece una familia ingresada como muestra | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| OptCliterio(0) | ComboBox | - | Tipo Único / |
| OptCliterio(1) | ComboBox | - | Completo. |
| TxtIntervalo | TextBox | 5 | Tipo Único / Completo Intervalo para la comparación. |
| cmdComparar | Commandbutton | - | Ejecuta la comparación. |
| spBandas_Comunes_0 | Spread | - | Observación. Tipo Única / Completa |
| grdBandas_Comunes | Grid | - | Bandas compatibles . |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Grabar | Button | - | Graba los registros actuales. |
| Eliminar | Button | - | Elimina el registro o fila actual. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.10. CONSULTA DE COMPARACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / BANDAS COMPLETAS.

| | | | |
|--|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bandas_eliminadas.frm | | Descripción: Consulta comparación de bandas comunes / completas. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| <p>Observaciones: Permite consultar las bandas únicas o bandas completas de cada comparación realizada.</p> | | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|--|----------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bandas_eliminadas.frm | | Descripción: Consulta comparación de bandas comunes / completas. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Txtcampo(1) | TextBox | - | Código de Familia. |
| optTipo | ComboBox | - | Tipo Único / Completo |
| sp_bandas | Spread | - | Comparaciones de la bandas. |
| spBandas_resultado | Spread | - | Resultado de cada comparación. |
| tib_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

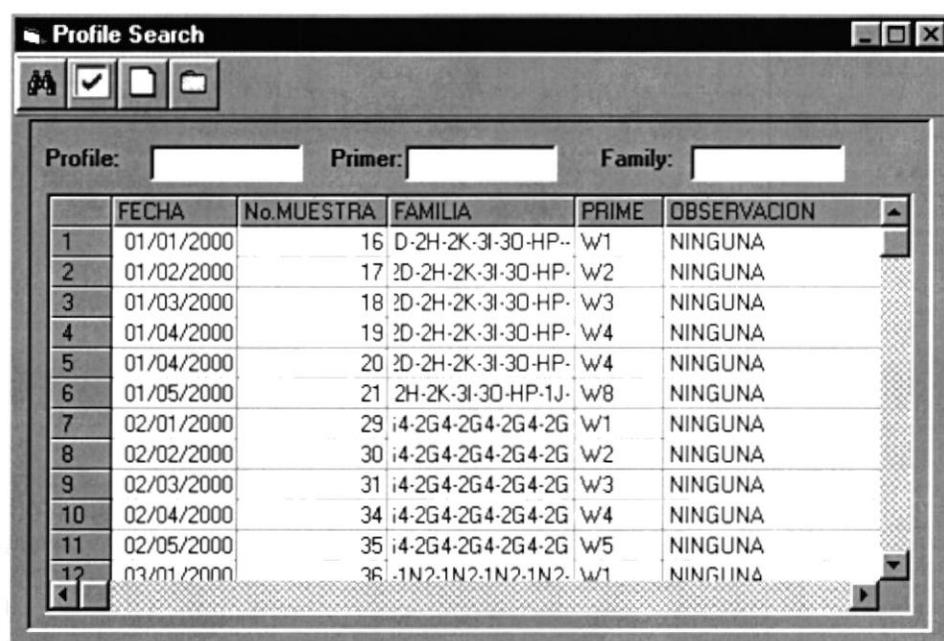
8.1.11. CONSULTA DE COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS

| | | | |
|---|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_com_familia.frm | | Descripción: Consulta de Comparación de Bandas entre si (Patrón Vs. Blancos) | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| Observaciones: | | | |
| Permite consultar las comparaciones que se ha realizado con familias o perfiles específicos (Patrón vs. Blancos). Se lo identifica por un secuencial Único. | | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|--|---------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_com_familia.frm | | Descripción: Consulta de Comparación de Bandas entre si (Patrón Vs. Blancos) | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Txtcampo(1) | TextBox | 10 | Código de Familia. |
| spBandas_Comunes_1 | Spread | - | Comparaciones de la bandas. |
| spBandas_resultado | Spread | - | Resultado de cada comparación. |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Observaciones: | | | |

8.1.12. CONSULTA DE PERFILES.

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bus_perfiles.frm | Descripción: Consulta de perfiles. | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS


The screenshot shows a window titled "Profile Search" with a toolbar containing icons for search, check, print, and save. Below the toolbar are input fields for "Profile:", "Primer:", and "Family:". The main area contains a table with the following data:

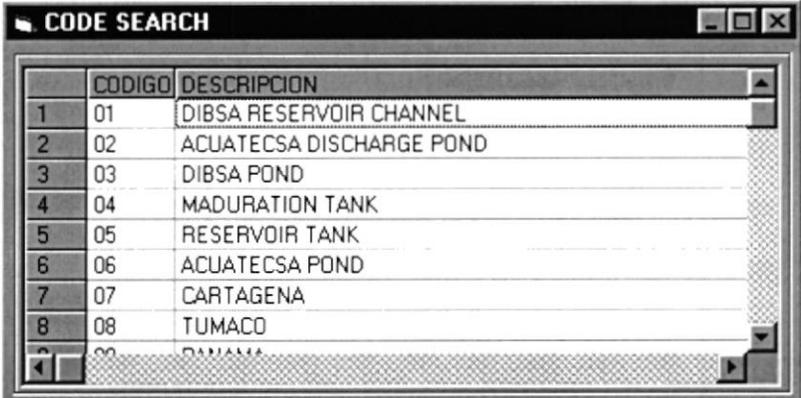
| | FECHA | No.MUESTRA | FAMILIA | PRIME | OBSERVACION |
|----|------------|------------|--------------------|-------|-------------|
| 1 | 01/01/2000 | 16 | D-2H-2K-3I-3O-HP- | W1 | NINGUNA |
| 2 | 01/02/2000 | 17 | 2D-2H-2K-3I-3O-HP- | W2 | NINGUNA |
| 3 | 01/03/2000 | 18 | 2D-2H-2K-3I-3O-HP- | W3 | NINGUNA |
| 4 | 01/04/2000 | 19 | 2D-2H-2K-3I-3O-HP- | W4 | NINGUNA |
| 5 | 01/04/2000 | 20 | 2D-2H-2K-3I-3O-HP- | W4 | NINGUNA |
| 6 | 01/05/2000 | 21 | 2H-2K-3I-3O-HP-1J- | W8 | NINGUNA |
| 7 | 02/01/2000 | 29 | i4-2G4-2G4-2G4-2G | W1 | NINGUNA |
| 8 | 02/02/2000 | 30 | i4-2G4-2G4-2G4-2G | W2 | NINGUNA |
| 9 | 02/03/2000 | 31 | i4-2G4-2G4-2G4-2G | W3 | NINGUNA |
| 10 | 02/04/2000 | 34 | i4-2G4-2G4-2G4-2G | W4 | NINGUNA |
| 11 | 02/05/2000 | 35 | i4-2G4-2G4-2G4-2G | W5 | NINGUNA |
| 12 | 03/01/2000 | 36 | .1N2-1N2-1N2-1N2- | W1 | NINGUNA |

Observaciones:

Permite consultar todos los perfiles existente en el sistema de genética.

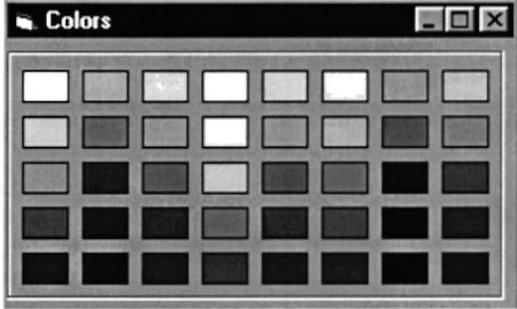
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bus_perfiles.frm | | Descripción: Consulta de perfiles. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Txtcampo(3) | TextBox | 3 | Número del perfil. |
| Txtcampo(2) | Spread | 3 | Número del primer. |
| Txtcampo(1) | Spread | 10 | Código de la familia. |
| Gdresultado | Grid | - | Resultado de la búsqueda. |
| tlb_herramienta | ToolBar | - | Barra de herramientas. |
| Nuevo | Button | - | Ingresa un nuevo registro. |
| Salir | Button | - | Salir de la pantalla |
| Seleccionar | Button | - | Selecciona el registro seleccionado. |
| Observaciones: | | | |

8.1.13. CONSULTA DE CÓDIGOS.

| | | | |
|---|--|---|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_consulta_códigos.frm | | Descripción: Consulta de códigos. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| Observaciones: | | | |
| Permite consulta todos los códigos de las tablas maestras. | | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|------|---|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_consulta_códigos.frm | | Descripción: Consulta de códigos. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| Grdresultado | Grid | - | Resultado de la búsqueda. |
| Observaciones: | | | |

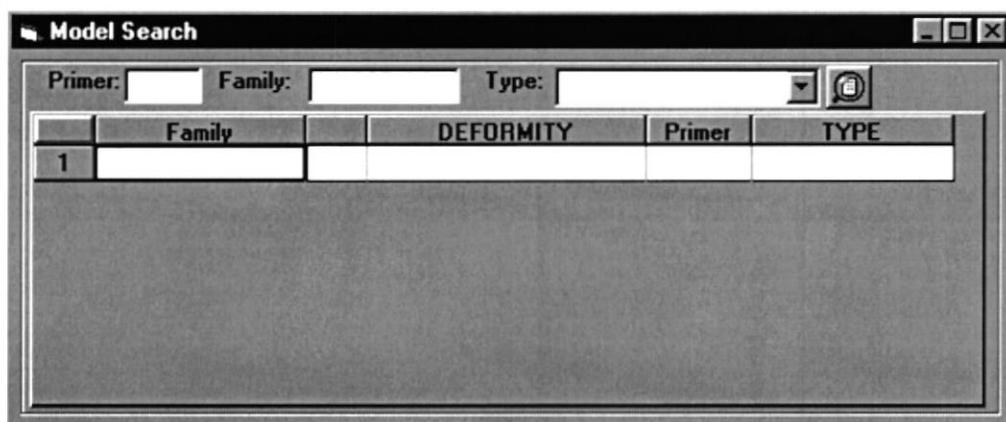
8.1.14 CONSULTA DE PALETA DE COLORES.

| | | | |
|--|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_paleta_colores.frm | | Descripción: Consulta paleta de colores. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | | |
|  | | | |
| <p>Observaciones: Permite consultar un catálogo de colores para asignar a los rangos de valores de los perfiles, para poder pintar las bandas</p> | | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|-------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_paleta_colores.frm | | Descripción: Consulta paleta de colores. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| lblcolor | label | - | Color de la banda o celda. |
| Observaciones: | | | |

8.1.15. CONSULTA DE FAMILIAS CON BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bandas_finales.frm | Descripción: Consulta de bandas Únicas / completas | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS**Observaciones:**

Permite consultar las bandas finales de las familias que han sido generadas como bandas únicas o completas.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|-------------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_c_bandas_finales.frm | | Descripción: Consulta de bandas Únicas / completas | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Control | Tipo | Longitud | Descripción |
| TxtCampo(2) | TextBox | - | Primer. |
| TxtCampo(1) | TextBox | - | Familia. |
| optType | ComboBox | - | Tipo Único / Completos. |
| tlb_barra_principal | ToolBar | - | Barra de herramientas de ayuda |
| sp_bandas | Spread | - | Resultado de la búsqueda |
| Observaciones: | | | |

8.1.16. IDENTIFICACIÓN DE PERFIL COMPATIBLES.

| | | |
|---|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_comparacion_bandas.frm | Descripción: Identificación de perfiles compatibles. | |

DISEÑO FORMATO PANTALLAS

Comparison Among generated Analysis (Uniques and/or Complete)

Type: ALL Vs. ALL Primer: w1 Intervals: 30

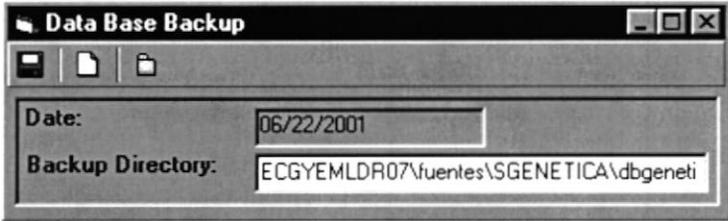
| Profile to Compare | | | | Compatibles Profile / Common | | | | | |
|--------------------|---------|---------|----|------------------------------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | | | | 1M | | 2H | | 2K | |
| | | | | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY | 01 | HEALTHY |
| | bp | ind% | >= | bp | ind% | bp | ind% | bp | ind% |
| 1 | | | | | | | | | |
| 2 | L6 | | | | | | | | |
| 3 | 01 | HEALTHY | | | | | | | |
| 4 | bp | ind% | | 151.45 | 3 | 165.1 | 10 | 190.25 | |
| 5 | 1479.4 | 22 | 30 | 210.2 | 3 | 194.2 | 10 | 254.65 | |
| 6 | 1275.05 | 88 | 30 | 260.2 | 9 | 229.35 | 25 | 303.3 | |
| 7 | 1109.05 | 33 | 30 | 308.3 | 3 | 642.5 | 10 | 365.15 | |
| 8 | 970 | 22 | 30 | 338.1 | 7 | 1257.15 | 10 | 439.3 | |
| 9 | 906.3 | 44 | 30 | 383.35 | 7 | | | 462.9 | |
| 10 | 831.45 | 33 | 30 | 482.8 | 7 | | | 506.5 | |
| 11 | | | 30 | 531.05 | 9 | | | 541.3 | |
| 12 | | | 30 | 567.25 | 9 | | | 569.6 | |
| 13 | 644.55 | 44 | 30 | 606.8 | 7 | | | 622.2 | |
| 14 | 559.75 | 100 | 30 | 625 | 3 | | | 663.9 | |
| 15 | 518.3 | 77 | 30 | | | | | | |
| 16 | 447.95 | 100 | 30 | | | | | 810.4 | |
| | | | | | | | | 865.65 | |
| | | | | | | | | 996.65 | |
| | | | | | | | | 1353.86 | |

Observaciones:

Nos permite identificar con que familia tiene bandas en común.

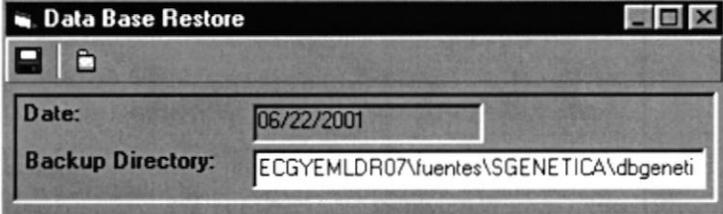
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|-------------|--|--|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_comparacion_bandas.frm | | Descripción: Identificación de perfiles compatibles. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Control | Tipo | Longitud | Descripción |
| TxtCampo(2) | TextBox | - | Primer. |
| txtIntervalo | TextBox | - | Valor de intervalo a comparar. |
| optCliterio(0) | Combox | - | Tipo Único / Completos de la familia que va ser comparada. |
| optCliterio(0) | Combox | - | Tipo Único / Completos de las bandas compatibles. |
| tlb_barra_principal | ToolBar | - | Barra de herramientas de ayuda |
| sp_bandas | Spread | - | Resultado de la búsqueda. |
| Observaciones: | | | |

8.1.17. RESPALDO DE BASE DE DATOS.

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_respaldo.frm | Descripción: Respaldo de la base de datos. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |
|  | | |
| <p>Observaciones: Permite hacer un respaldo de la base de datos a un directorio de un servidor específico para que en la noche se realice un respaldo en una cinta.</p> | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_respaldo.frm | | Descripción: Respaldo de la base de datos. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| lblFecha | date | - | Fecha. |
| TxtCampo | TextBox | - | Directorio del respaldo. |
| tlb_barra_principal | ToolBar | - | Barra de herramientas de ayuda |
| Observaciones: | | | |

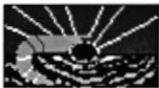
8.1.18. RESTAURACIÓN DE RESPALDO DE LA BASE DE DATOS.

| | | |
|--|--|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 2 | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_restauración.frm | Descripción: Restauración de la base de datos. | |
| DISEÑO FORMATO PANTALLAS | | |
|  | | |
| Observaciones: | | |
| Permite restaurar la base de datos desde el servidor de respaldo. | | |

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 2 de 2 | |
|---|---------|--|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_restauración.frm | | Descripción: Restauración de la base de datos. | |
| LISTA DE ELEMENTOS | | | |
| Nombre del objeto | Tipo | Longitud | Descripción |
| lblFecha | date | - | Fecha. |
| TxtCampo | TextBox | - | Directorio del respaldo. |
| tlb_barra_principal | ToolBar | - | Barra de herramientas de ayuda |
| Observaciones: | | | |

8.2. DISEÑO DE REPORTEES.

8.2.1. REPORTE GENERAL DE PERFILES.

| | | | | | | |
|--|-------------|--|---|--------------------|-------------|------------------|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 1 | | | | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre del Archivo: Reporte general de Perfil | | Descripción: Reporte general de perfil | | | | |
|  ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A. REPORTE GENERAL DE PEFIL PAG: 1 DE 1 FECHA: MM/DD/YYYY | | | | | | |
| PROFILE: 99999 PRIMER: XXX DATE : MM/DD/YYYY OBSERVACIÓN: XX | | | | | | |
| NRO: | FILE | FAMILIA | SOURCE | DESCRIPTION | TYPE | DEFORMITY |
| 999 | XXXXXXXX | XX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXXXX |
| BANDS | bp | bp | bp | bp | bp | |
| 99 | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | 999.9 | |
| 99 | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | 999.9 | |
| 99 | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | 999.9 | |
| Observaciones: | | | | | | |
| Nos muestra todas las familias que contiene un perfil específico, con su respectivas bandas. | | | | | | |

8.2.2. REPORTE GENERAL DE FAMILIA POR PERFIL.

| | | | | | |
|--|--|---|--------------------|-------------|------------------|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | | | | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | |
| Nombre del Archivo: Reporte general de análisis genético | Descripción: Todas la familias que estan asociado a un perfil. | | | | |
|  <p>ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A. PAG: 1 DE 1 REPORTE GENERAL FAMILIA POR PERFIL FECHA: MM/DD/YYYY</p> | | | | | |
| PROFILE: 99999 PRIMER: XXX DATE : MM/DD/YYYY OBSERVACIÓN: XX | | | | | |
| NRO: FILE | FAMILIA | SOURCE | DESCRIPTION | TYPE | DEFORMITY |
| 999 | XXXXXXXX | XX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXX | XXXXXXXX |
| Observaciones: | | | | | |

8.2.3. REPORTE DE PERFIL CON MÁSCARA.

| | | | | | | |
|--|--|---|---------------|--------------------|-------------|------------------|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | | | | | |
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | | |
| Nombre del Archivo: Reporte de Perfil con Mascara | Descripción: Familias con sus bandas en un formato de mascara. | | | | | |
|  ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A PAG: 1 DE 1 REPORTE REPORTE DE PEFIL CON MASCARA FECHA: MM/DD/YYYY | | | | | | |
| PROFILE: 99999 PRIMER: XXX DATE : MM/DD/YYYY OBSERVACIÓN: XX | | | | | | |
| NRO: | FILE | FAMILIA | SOURCE | DESCRIPTION | TYPE | DEFORMITY |
| 999 | | XXXXXXXX | XX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXXXX | XXXXXXXXXX |
| BANDS | | bp | bp | bp | bp | |
| 99 | | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | |
| 99 | | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | |
| 99 | | 999.99 | 999.99 | 999.9 | 999.9 | |
| Observaciones: | | | | | | |
| Muestra las bandas de una familia de un perfil en un formato específico, en orden de valor y color. | | | | | | |

8.2.5. REPORTE DE COMPARACIÓN PATRÓN BLANCO.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--|--|---|--------|--------------------|-------|--|--------|--|--------------------|--|--|--|--------------------|--|----|-------|----|----|----|-------|---------|-----|----|----|---------|----|---------|-----|----|----|---------|----|
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Nombre del Archivo: Reporte de comparación patrón blanco | Descripción: Ingreso al sistema. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|  <p>ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A REPORTE DE COMPARACION DE PATRÓN / BLANCO</p> <p>FECHA: MM/DD/YYYY INTERVALS: 999</p> <p>PERFIL PARA COMPARAR TYPE: XXXXXXXX PERFILES COMPATIBLES TYPE : XXXXXXXX</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th colspan="4" style="text-align: center;">PATRÓN</th> <th colspan="2" style="text-align: center;">BLANCO</th> </tr> <tr> <th colspan="4" style="text-align: center;">FAMILIA DEFORMIDAD</th> <th colspan="2" style="text-align: center;">FAMILIA DEFORMIDAD</th> </tr> <tr> <th style="width: 15%;">BP</th> <th style="width: 15%;">IND %</th> <th style="width: 15%;">>=</th> <th style="width: 15%;"><=</th> <th style="width: 15%;">BP</th> <th style="width: 15%;">IND %</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> </tbody> </table> <p>Observaciones:</p> | | | PATRÓN | | | | BLANCO | | FAMILIA DEFORMIDAD | | | | FAMILIA DEFORMIDAD | | BP | IND % | >= | <= | BP | IND % | 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 |
| PATRÓN | | | | BLANCO | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| FAMILIA DEFORMIDAD | | | | FAMILIA DEFORMIDAD | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| BP | IND % | >= | <= | BP | IND % | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

8.2.6. REPORTE IDENTIFICACIÓN DE PERFIL.

| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | Página 1 de 1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--|--|---|--------|--------------------|-------|--|--------|--|--------------------|--|--|--|--------------------|--|----|-------|----|----|----|-------|---------|-----|----|----|---------|----|---------|-----|----|----|---------|----|
| | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | Autor: Joel Chalén Ortega | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Nombre del Archivo: Reporte identificación de perfil | Descripción: Ingreso al sistema. | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|  <p>ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A REPORTE DE IDENTIFICACIÓN DE PERFIL</p> <p>FECHA: MM/DD/YYYY INTERVALS: 999</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th colspan="4">PATRÓN</th> <th colspan="2">BLANCO</th> </tr> <tr> <th colspan="4">FAMILIA DEFORMIDAD</th> <th colspan="2">FAMILIA DEFORMIDAD</th> </tr> <tr> <th>BP</th> <th>IND %</th> <th>>=</th> <th><=</th> <th>BP</th> <th>IND %</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> </tbody> </table> <p style="text-align: right;">.....</p> | | | PATRÓN | | | | BLANCO | | FAMILIA DEFORMIDAD | | | | FAMILIA DEFORMIDAD | | BP | IND % | >= | <= | BP | IND % | 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 |
| PATRÓN | | | | BLANCO | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| FAMILIA DEFORMIDAD | | | | FAMILIA DEFORMIDAD | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| BP | IND % | >= | <= | BP | IND % | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 9999.99 | 999 | 99 | 99 | 9999.99 | 99 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Observaciones: | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |



CAPÍTULO 9.

DIAGRAMA IPO Y NARRATIVAS DE PROGRAMAS

9. DIAGRAMA IPO Y NARRATIVAS DE PROGRAMAS.

9.1. MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES.

9.1.1. IPO DE DEFORMIDADES.

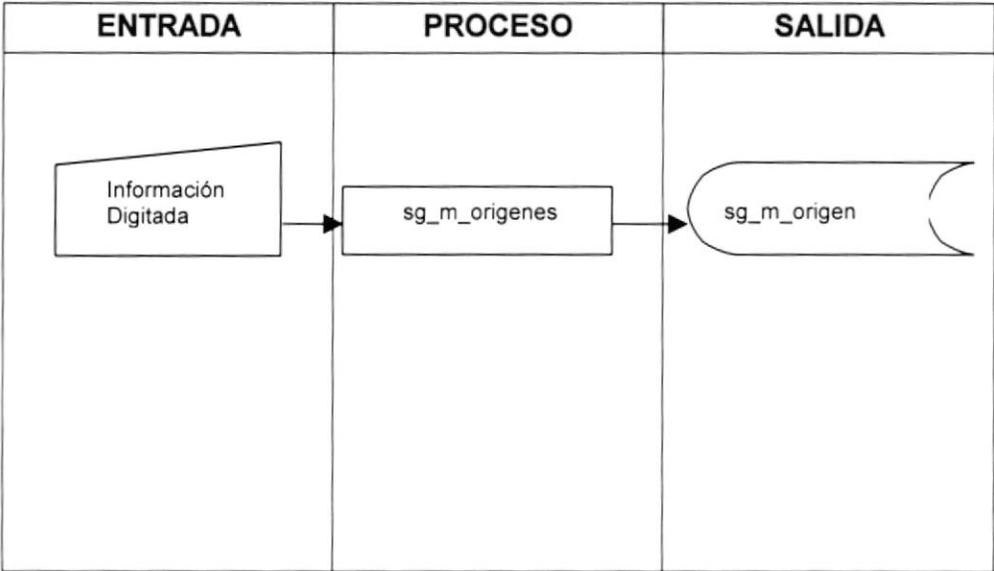
| | | | |
|---|----------------|-------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_deformidad.frm | | Menú: mnu_mant | |
| DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS | | | |
| ENTRADA | PROCESO | SALIDA | |
| | | | |
| Observaciones: | | | |

9.1.2. NARRATIVA DE DEFORMIDADES.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|--|-------------------------------|
| Nombre de Programa: sg_m_deformidad.frm | Secuencia: Página 1 de 1 |
| <p>El mantenimiento de códigos de deformidades tiene como objetivo ingresar nuevos códigos, modificar o eliminar códigos existentes.</p> <p>1. Carga del formulario.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. En la carga del formulario se consulta automáticamente todos los códigos de deformidades que existan en la base de datos. 2. Llenar el spread de deformidades con los códigos que haya encontrado en la tabla de deformidades. <p>2. Ingresar una deformidad.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Se agrega una nueva fila al spread de deformidades. 2. Se graba en la tabla de sg_m_deformidad. <p>3. Modificación deformidad.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Al modificar la descripción de la deformidad se valida que no sea mandatoria o sea no vacía. 2. Al grabar los cambios se envían los códigos de deformidades con sus respectivas descripciones, se actualiza en la tabla sg_m_deformidad. <p>4. Eliminar una deformidad.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Se eliminará directamente de la tabla de sg_m_deformidad y también del spread de la pantalla. | |
| Observaciones: | |

9.2. MANTENIMIENTO DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS.

9.2.1. IPO DE ORÍGENES / PROCEDENCIAS

| | | | |
|---|----------------------|-------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuicultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_origenes.frm | | Menú: mnu_mant | |
| DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS | | | |
| ENTRADA | PROCESO | SALIDA | |
|  <p>Información Digitada</p> | <p>sg_m_origenes</p> | <p>sg_m_origen</p> | |
| Observaciones: | | | |

9.2.2. NARRATIVA DE ORÍGENES / PROCEDENCIA.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|--|-------------------------------|
| Nombre de Programa: sg_m_origenes.frm | Secuencia: Página 1 de 1 |
| <p>El mantenimiento de códigos de orígenes tiene como objetivo ingresar nuevos códigos, modificar o eliminar códigos existentes.</p> <p>2. Carga del formulario.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. En la carga del formulario se consulta automáticamente todos los códigos de orígenes que existan en la base de datos. 2. Llenar el spread de orígenes con los códigos que haya encontrado en la tabla de orígenes. <p>2. Ingresar un origen.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Se agrega una nueva fila al spread orígenes. 2. Se graba en la tabla de sg_m_origen. <p>3. Modificación de un origen.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Al modificar la descripción de un origen se valida que no sea mandatoria o sea no vacía. 2. Al grabar los cambios se envía los códigos de orígenes con su respectivas descripciones, se actualiza en la tabla sg_m_origen. <p>4. Eliminar un origen</p> <ol style="list-style-type: none"> 2. Se elimina directamente de la tabla de sg_m_origen y tambien del spread de la pantalla. | |
| Observaciones: | |

9.3. REGISTRO DE PERFIL BASE.

9.3.1. IPO DE PERFIL BASE.

| | | | |
|---|----------------|---------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm | | Menú: mu_análisis_geneticos | |
| DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS | | | |
| ENTRADA | PROCESO | SALIDA | |
| <pre> graph LR subgraph ENTRADA A[Información Digitada] end subgraph PROCESO B[sg_m_perfil_base] end subgraph SALIDA C[sg_m_perfil_genetico] D[sg_t_muestra_cab] E[sg_t_muestra_det] F[sg_t_banda_resume] end A --> B B --> C B --> D B --> E B --> F </pre> | | | |
| Observaciones: | | | |

9.3.2. NARRATIVA DE PERFIL BASE.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|---|---|
| Nombre de Programa: sg_m_deformidad.frm | Secuencia: Página 1 de 2 |
| <p>Este programa nos permite ingresar las bandas bases de una familia y asociarla a un perfil.</p> <p>1. Carga del formulario.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Asigno la fecha de registro del perfil por default. <p>2. Ingreso de Perfil.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. En el ingreso de familia, consulto los códigos de procedencia / orígenes a la tabla sg_m_origen. 2. En el ingreso del código de deformidad consulto en la tabla de sg_m_deformidad. 3. Al pegar el archivo de kodak a la familia del perfil, leo esta información desde la memoria ya que el archivo de kodak se le hizo un ctr + C y esta en memoria, lo pegamos en la pantalla de bandas. 4. Grabamos las bandas ingresadas en la tabla sg_t_muestra_det. 5. El detalle (bandas) esta asociado a la tabla de cabecera sg_t_muestra_cab. 6. Los rangos que utilizamos para pintar las bandas se encuentra en la tabla de sg_t_muestra_cab_rango, aquí contienen todos los valores de los rangos utilizados en la pintada de las bandas de las familias. 7. Pintamos solo las bandas que estén entre uno de los rangos ingresados anteriormente. 8. Grabamos una cabecera general el cual contienen información general del perfil (sg_m_perfil_genetico). También grabamos todas las familias que intervinieron en el ingreso del perfil, lo grabamos en la tabla sg_t_muestra_cab. 9. Grabamos el detalle de bandas de cada familia en la tabla sg_t_muestra_det. | |
| Observaciones: | |

9.4. GENERACIÓN DE RESÚMENES DE BANDAS

9.4.1. IPO DE RESUMEN DE BANDAS.

| | | | |
|---|----------------|---------------------------------------|---|
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_resumen_análisis.frm | | Menú: mu_análisis_geneticos | |
| DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS | | | |
| ENTRADA | PROCESO | SALIDA | |
| | | | |
| Observaciones: | | | |

9.4.2. NARRATIVA DE RESUMEN DE BANDAS.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|---|---|
| Nombre de Programa: sg_p_resumen_análisis.frm | Secuencia: Página 1 de 2 |
| <p>Este programa nos permite ingresar las bandas bases de una familia y asociarla a un perfil.</p> <p>3. Carga del formulario.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Asigno la fecha de registro del perfil por default. <p>4. Ingreso de Perfil.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. En el ingreso de familia, consulto los códigos de procedencia / orígenes a la tabla sg_m_origen. 2. En el ingreso del código de deformidad consulto en la tabla de sg_m_deformidad. 3. Al pegar el archivo de kodak a la familia del perfil, leo esta información desde la memoria ya que el archivo de kodak se le hizo un ctr + C y esta en memoria, lo pegamos en la pantalla de bandas. 4. Grabamos las bandas ingresadas en la tabla sg_t_muestra_det. 5. El detalle (bandas) esta asociado a la tabla de cabecera sg_t_muestra_cab. 6. Los rangos que utilizamos para pintar las bandas se encuentra en la tabla de sg_t_muestra_cab_rango, aquí contienen todos los valores de los rangos utilizados en la pintada de las bandas de las familias. 7. Pintamos solo las bandas que estén entre uno de los rangos ingresados anteriormente. 8. Grabamos una cabecera general el cual contienen información general del perfil (sg_m_perfil_genetico). También grabamos todas las familias que intervinieron en el ingreso del perfil, lo grabamos en la tabla sg_t_muestra_cab. 9. Grabamos el detalle de bandas de cada familia en la tabla sg_t_muestra_det. | |
| Observaciones: | |

9.5. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

9.5.1. IPO DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

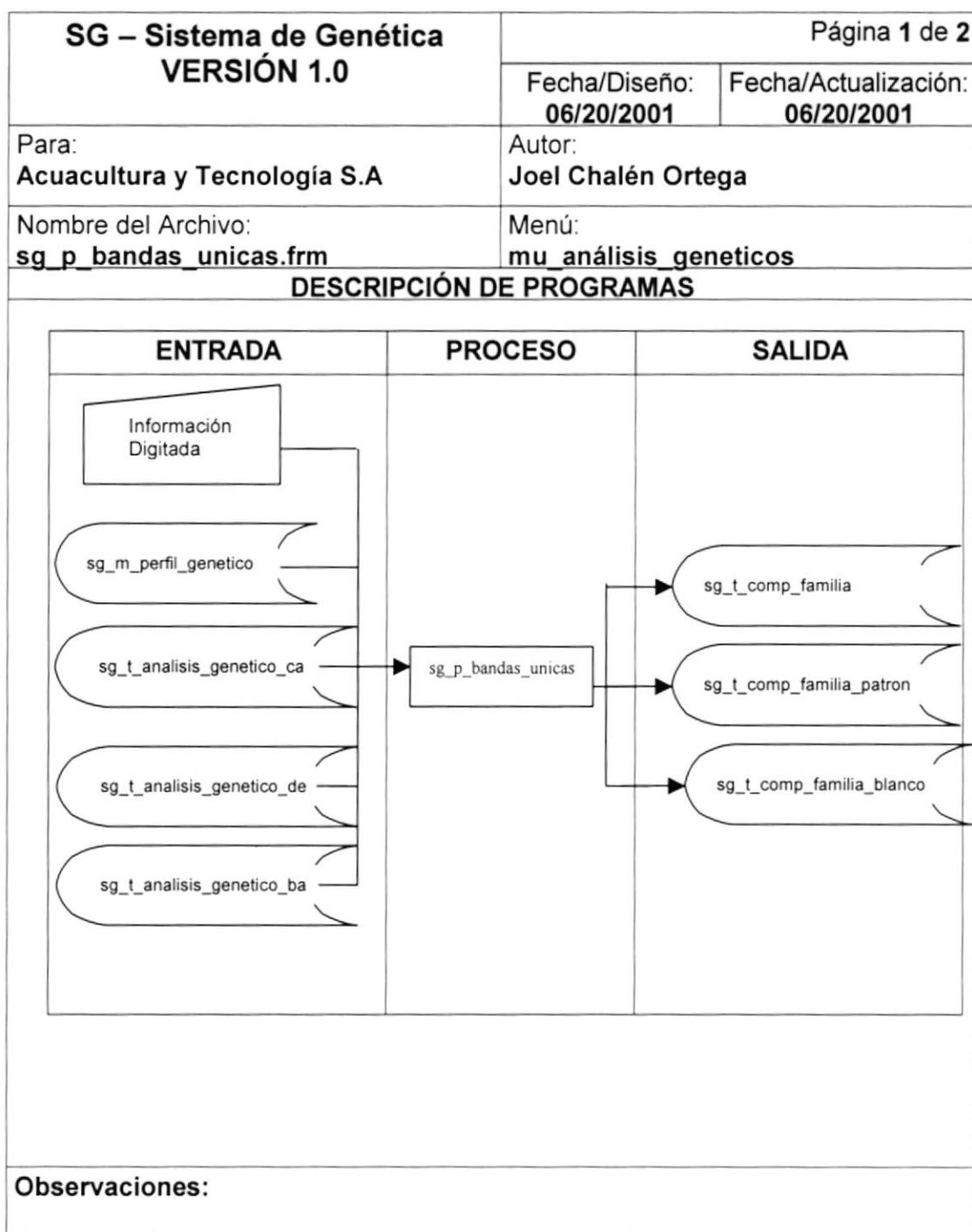
| SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0 | | Página 1 de 2 | |
|---|---|---|---|
| | | Fecha/Diseño: 06/20/2001 | Fecha/Actualización: 06/20/2001 |
| Para: Acuacultura y Tecnología S.A | | Autor: Joel Chalén Ortega | |
| Nombre del Archivo: sg_p_bandas_unicas.frm | | Menú: mu_análisis_geneticos | |
| DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS | | | |
| ENTRADA | PROCESO | SALIDA | |
| <p>The diagram shows the flow of data for the program 'sg_p_bandas_unicas'. In the 'ENTRADA' column, there is a trapezoidal box labeled 'Información Digitada' with an arrow pointing to the process box. Below it are five rounded rectangular boxes representing data stores: 'sg_m_perfil_genetico', 'sg_t_analisis_genetico_ca', 'sg_t_analisis_genetico_de', and 'sg_t_analisis_genetico_ba'. Arrows from 'sg_m_perfil_genetico' and 'sg_t_analisis_genetico_ca' point to the process box. In the 'PROCESO' column, a central rectangular box is labeled 'sg_p_bandas_unicas'. In the 'SALIDA' column, there are five rounded rectangular boxes representing data stores: 'sg_t_banda_definitiva_cab', 'sg_t_banda_definitiva_det', 'sg_t_banda_eliminada', 'sg_t_banda_eliminada_cab', and 'sg_t_banda_eliminada_det'. Arrows from the process box point to each of these output data stores.</p> | <p style="text-align: center;">sg_p_bandas_unicas</p> | <p style="text-align: center;">sg_t_banda_definitiva_cab</p> <p style="text-align: center;">sg_t_banda_definitiva_det</p> <p style="text-align: center;">sg_t_banda_eliminada</p> <p style="text-align: center;">sg_t_banda_eliminada_cab</p> <p style="text-align: center;">sg_t_banda_eliminada_det</p> | |
| Observaciones: | | | |

9.5.2. NARRATIVA DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|--|-------------------------------|
| Nombre de Programa: sg_p_bandas_unicas.frm | Secuencia: Página 1 de 1 |
| <p>Este programa nos permite generar las bandas únicas o completas de un perfil existente en el sistema.</p> <p>1. Carga del formulario.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Agrego al comobox optTipo los Item "UNIQUE" y "ALL" que identificará si las bandas que se desee grabar serán únicas o completas. <p>2. Comparación.</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. En la consulta de Perfiles al presionar el botón cmdConsPerfil, consultamos la tabla sg_m_perfil_genetico. 2. Se agregan todos los registros de los perfiles al spread de consulta de perfiles. 3. Al presionar doble clic en el perfil, se consulta todos los análisis que existan asociados a este perfil, se consulta a la tabla sg_t_análisis_genetico_cab, y se agrega al grid de análisis del perfil. 4. Al presionar el botón cmdEliminar, que ejecuta la eliminación de bandas comunes se ejecutará el proceso, leyendo familia por familia y verificando que si existe alguna banda de alguna familia que con el valor del intervalo este entre su rango. 5. Si existiera una banda que si este en el rango de la familia que se este comparando en ese momento esas bandas se eliminarán de la pantalla para poder identificar que las bandas que queden son las bandas únicas de los perfiles comparados. 6. Esta comparación se la graba en las tablas de sg_t_banda_definitiva_cab, sg_t_banda_definitiva_det, sg_t_eliminación, sg_t_banda_eliminada_cab, sg_t_banda_eliminada_det | |
| Observaciones: | |

9.6. COMPARACIÓN DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS.

9.6.1. IPO DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS.

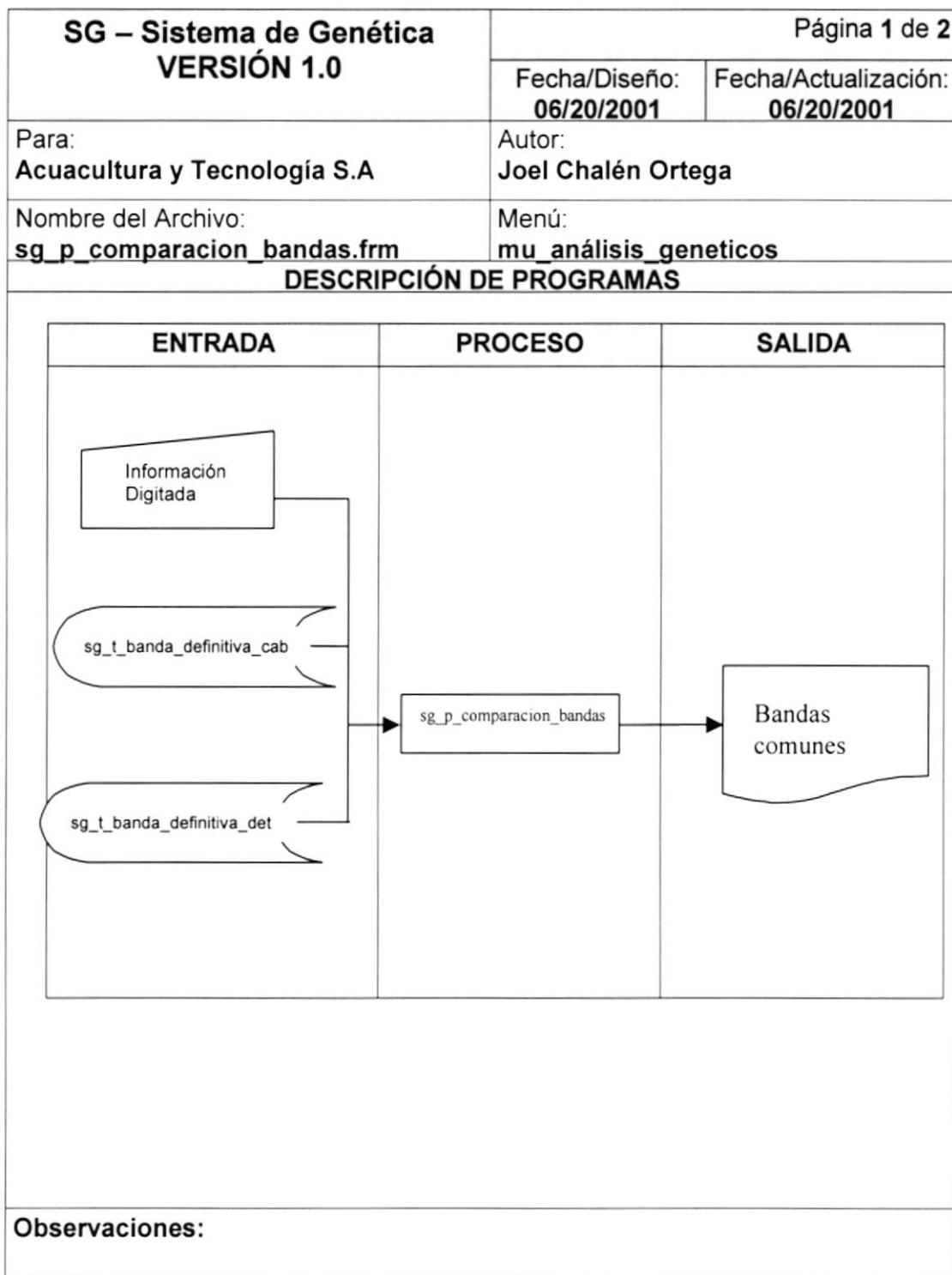


9.6.2. NARRATIVA DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|---|---|
| Nombre de Programa: sg_p_bandas_unicas.frm | Secuencia: Página 1 de 1 |
| <p>Este programa nos permite realizar una comparación entre una familia identificada com patron y otras como Blancos.</p> <p>1. Carga del formulario.</p> <p>1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso,</p> <p>2. Comparación.</p> <p>1. En la consulta de Perfiles al presionar el botón cmdConsPerfil, consultamos la tabla sg_m_perfil_genetico.</p> <p>2. Se agregan todos los registros de los perfiles al spread de consulta de perfiles.</p> <p>3. Al presionar doble clic en el perfil, se consulta todos los análisis que existan asociados a este perfil, se consulta a la tabla sg_t_analisis_genetico_cab, y se agrega al grid de análisis del perfil.</p> <p>4. Identificamos que análisis del perfil seleccionado va hacer el Patron y los Blanco. Al presionar el botón cmdcomparar, que ejecuta la comparación de bandas comunes se ejecutará el proceso, comparando la familia identificado como Patron con todos los blancos y nos muestra las bandas que son compatibles entre si.</p> <p>5. Grabando esta comparación en las tablas sg_t_comp_familia, sg_t_comp_familia_patron y sg_t_comp_familia_blanco.</p> | |
| Observaciones: | |

9.7. IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES.

9.7.1. IPO DE IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES.



9.7.2. NARRATIVA DE IDENTIFICACIÓN DE PERFIL O BANDAS COMUNES.

| NARRATIVA DEL PROGRAMA | |
|--|---|
| Nombre de Programa: sg_p_bandas_unicas.frm | Secuencia: Página 1 de 1 |
| <p>Este programa nos permite realizar la identificación de las bandas que tiene en común con una específica.</p> <ol style="list-style-type: none">1. Carga del formulario.<ol style="list-style-type: none">1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso,2. Comparación.<ol style="list-style-type: none">1. En la consulta de las familia que se desea identificar el perfil , se extrae esta información desde la tabla sg_t_banda_definitiva_cab, que contiene todas las familias generadas con sus correspondientes bandas.2. Al ingresar el valor del intervalo para comparar se le asigna el mismo valor a todos los registros de la familia a identificar, este valor usted puede cambiarlo para tener mejor resultado en su comparación.3. La comparación de la hace en base a la familia que usted ha seleccionado, le suma y resta el valor del intervalo, si encontramos una banda de alguna familia la presentamos y con un color específico para poder distinguir, las bandas comunes. | |
| Observaciones: | |