

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.

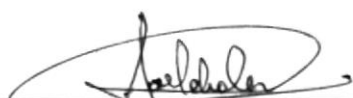


DECLARACIÓN EXPRESA

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 a large, stylized 'S' followed by a more complex, scribbled part.

Anl. JORGE LOMBEIDA.



TABLA DE CONTENIDO

CAPÍTULO 1

1. INTRODUCCIÓN AL SISTEMA.....	1
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 ALMACENAMIENTO 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 GENÉTICOS.....	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 COMPARZCION 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



BIBLIOTECA
CAMPUS
PEÑAS

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

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.

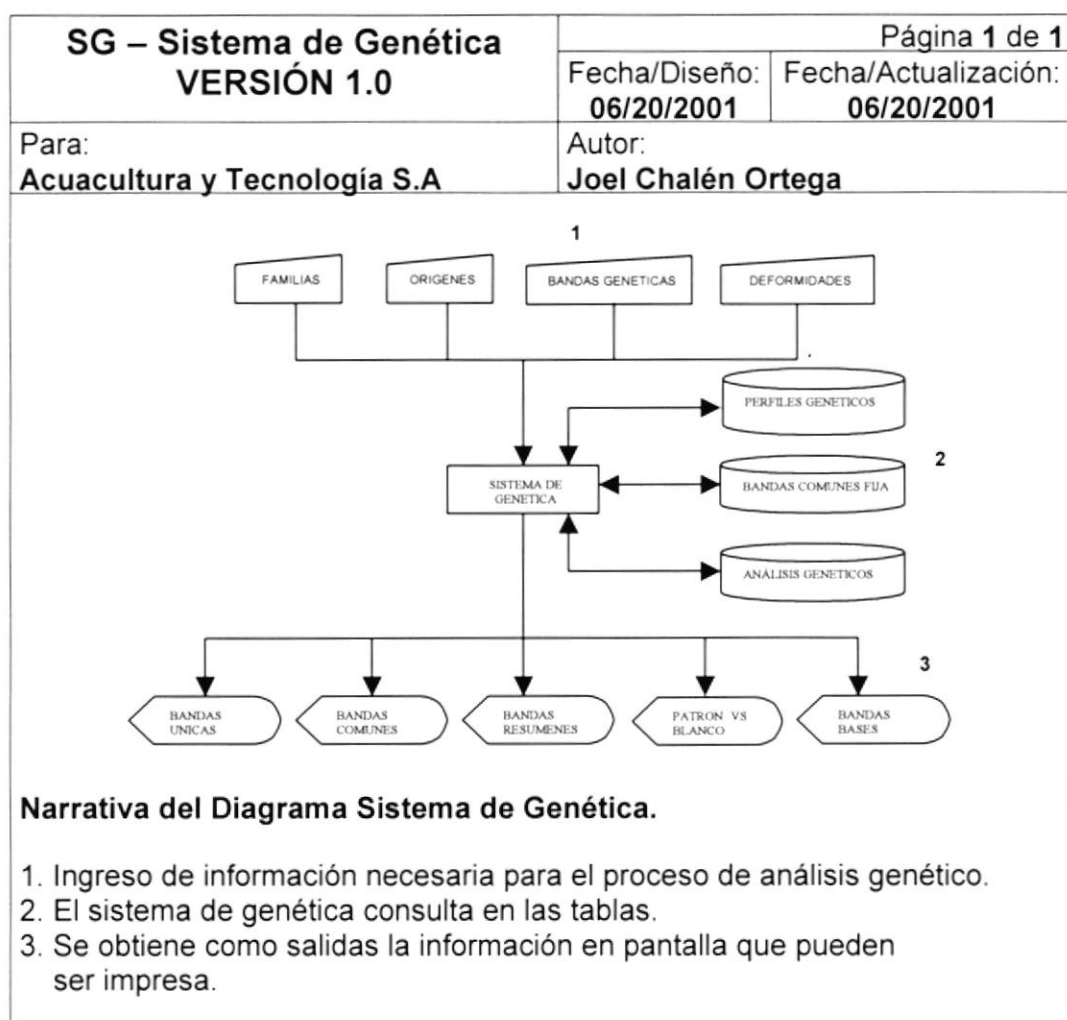
Estos análisis nos ayudan a diferenciar animales que provengan de diferentes familias (DIBSA-Acuatecsa), orígenes (Cartagena, Tumaco y Panamá), animales con diferentes deformidades, o encontrar similitudes o diferencias entre padres (hembra-macho) con la progenie (larvas y/o juveniles).

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.



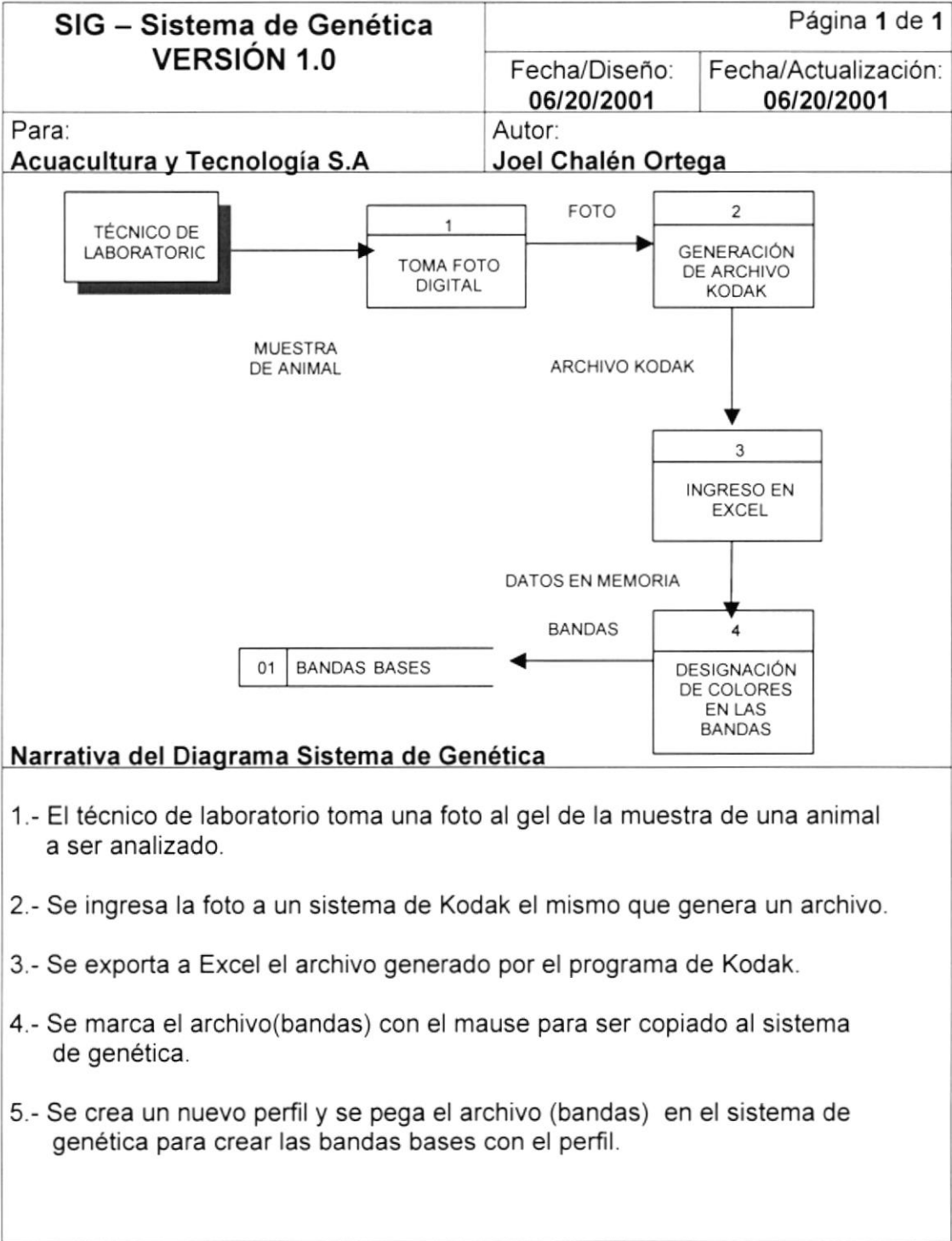


CAPÍTULO 2.

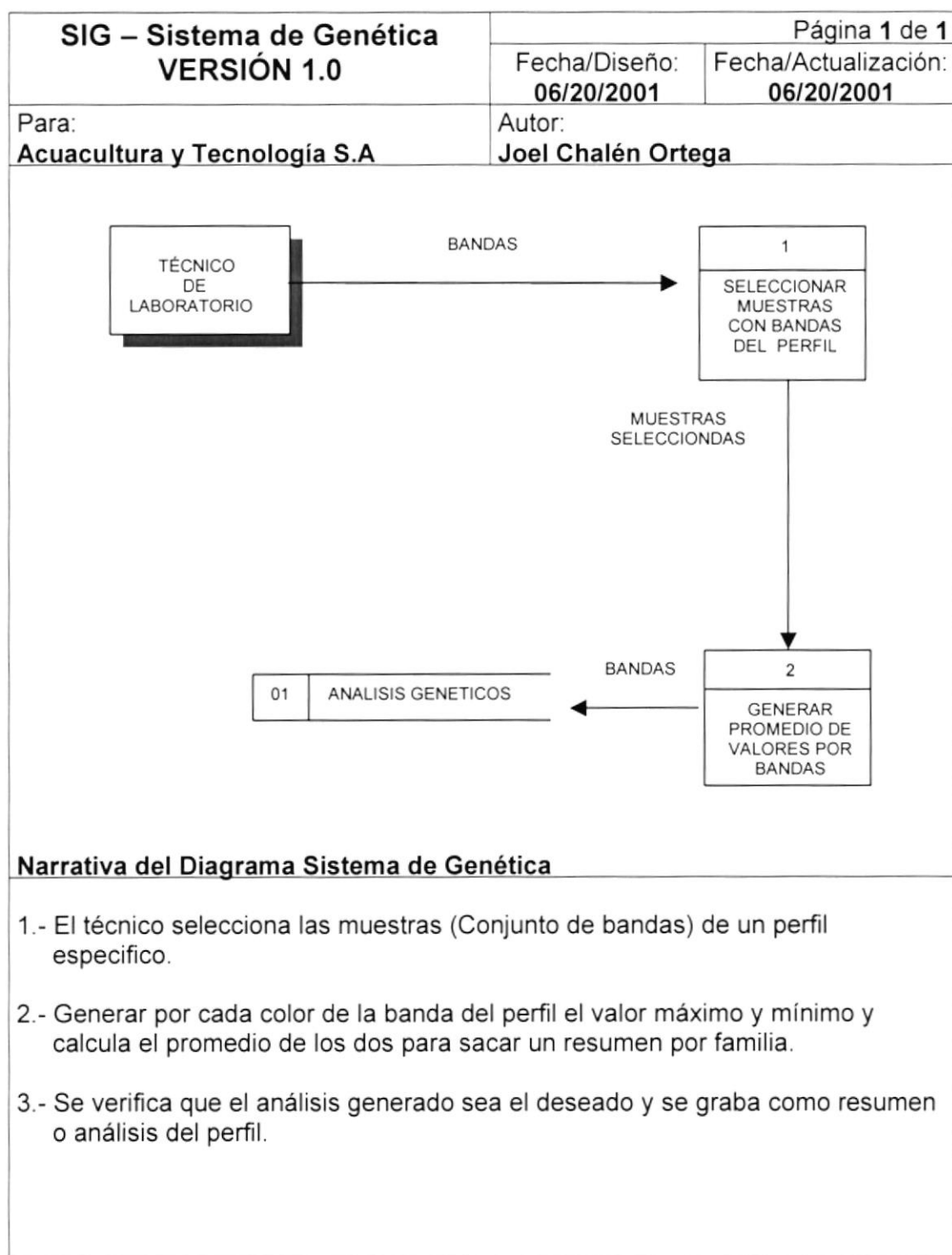
DIAGRAMAS DE FLUJO DE DATOS

2. DIAGRAMA DE FLUJO DE DATOS.

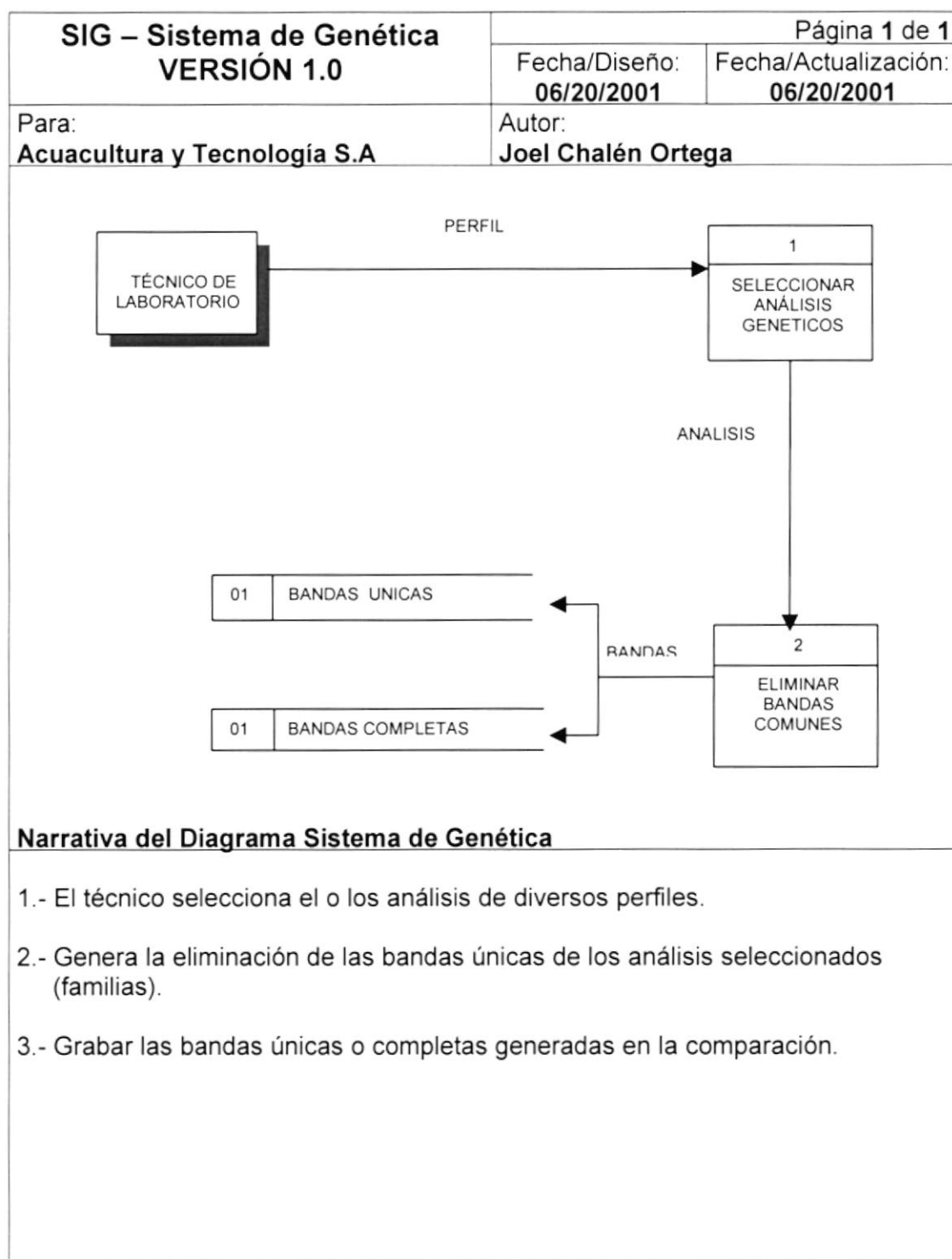
2.1. INGRESO DE BANDAS BASES.



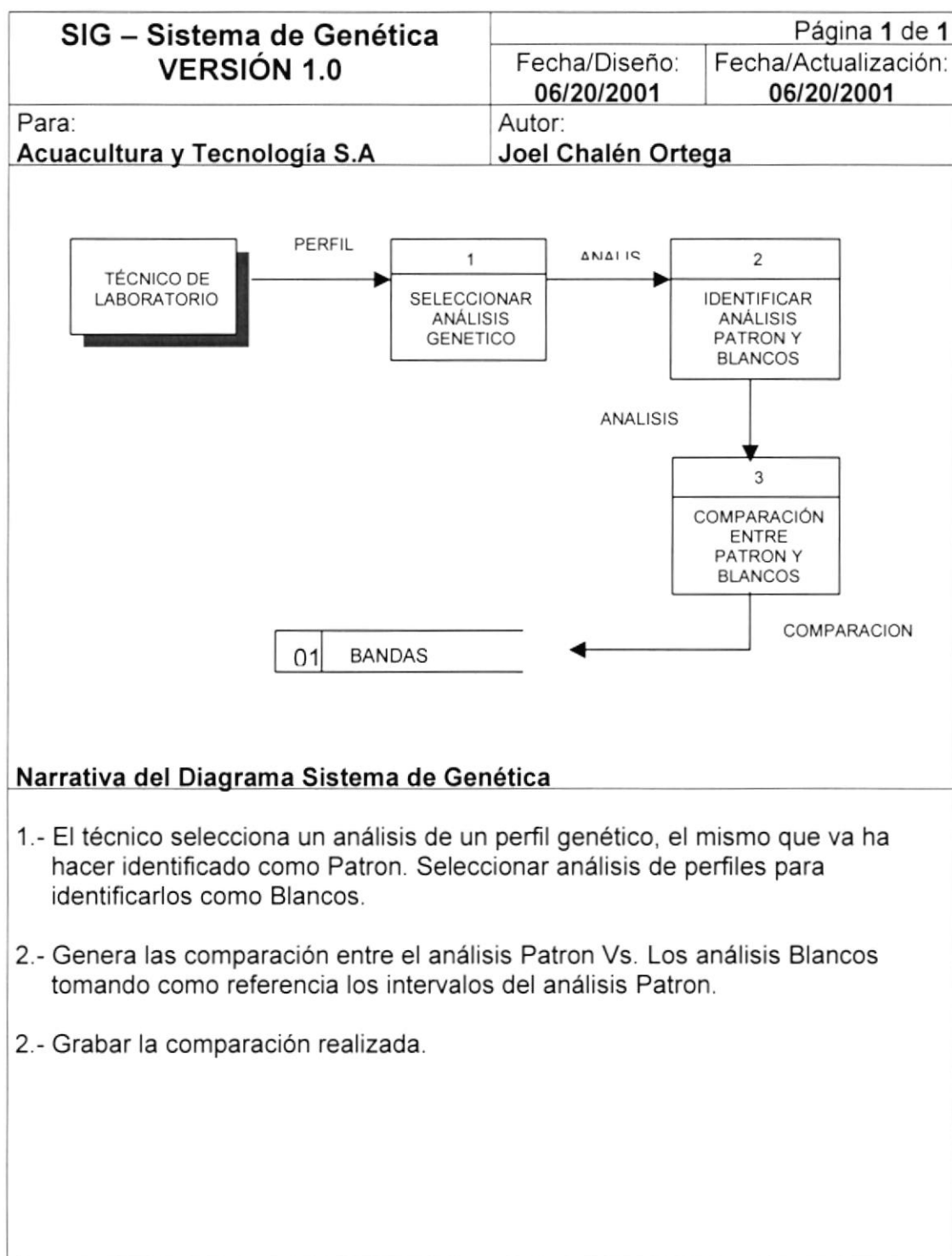
2.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS.



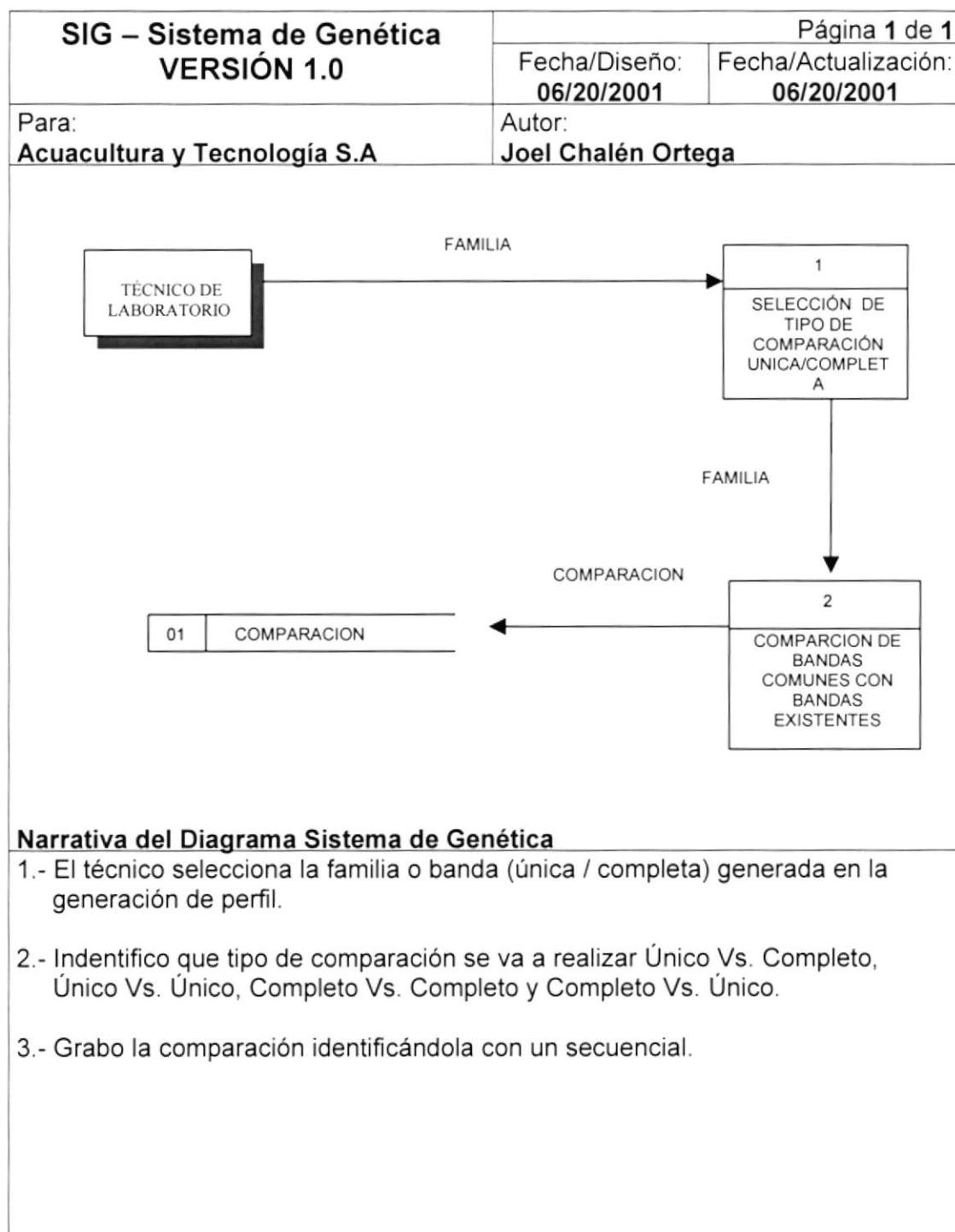
2.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS.



2.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS. BLANCOS.



2.5. IDENTIFICACIÓN DE UN PERFIL ESPECÍFICO.



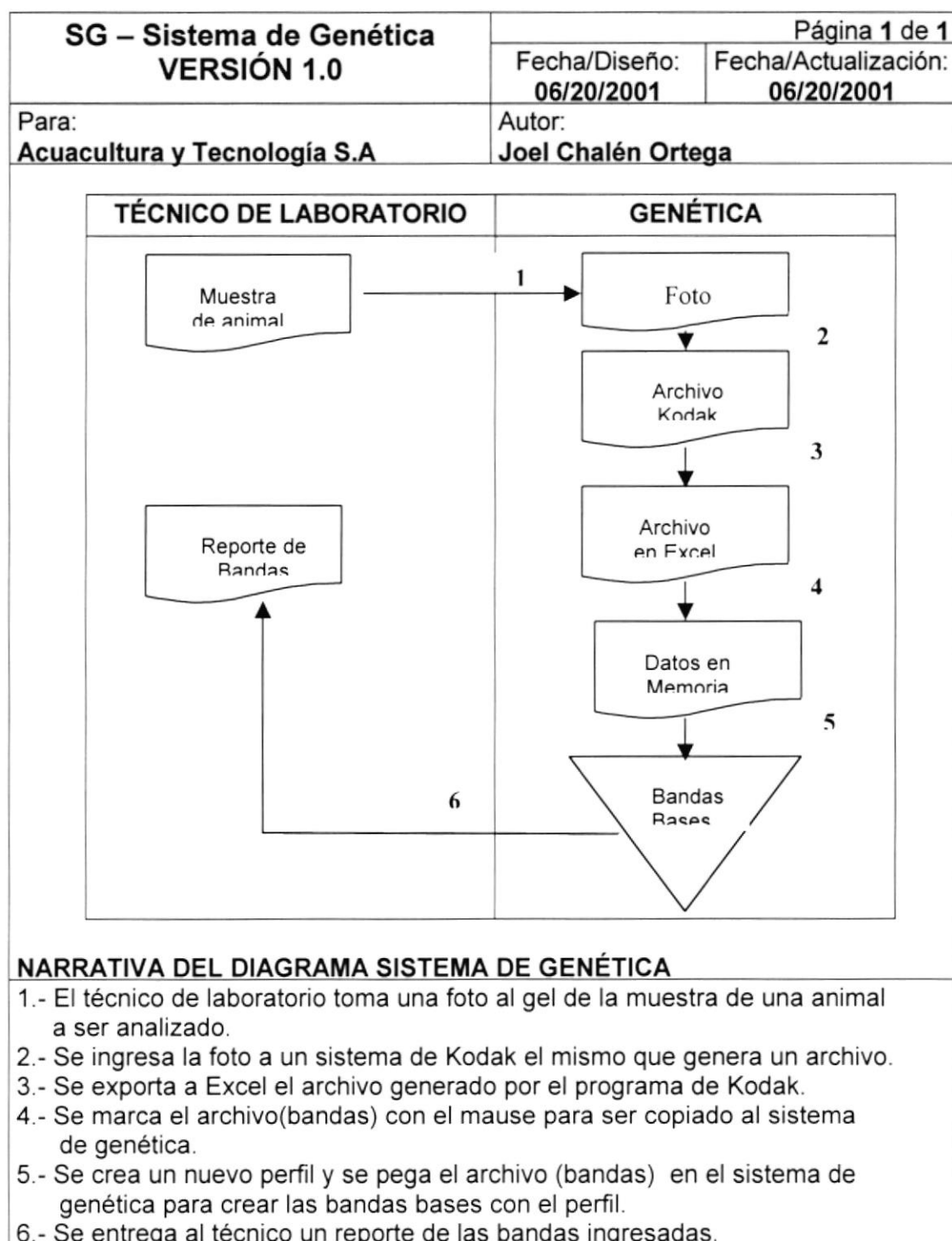


CAPÍTULO 3.

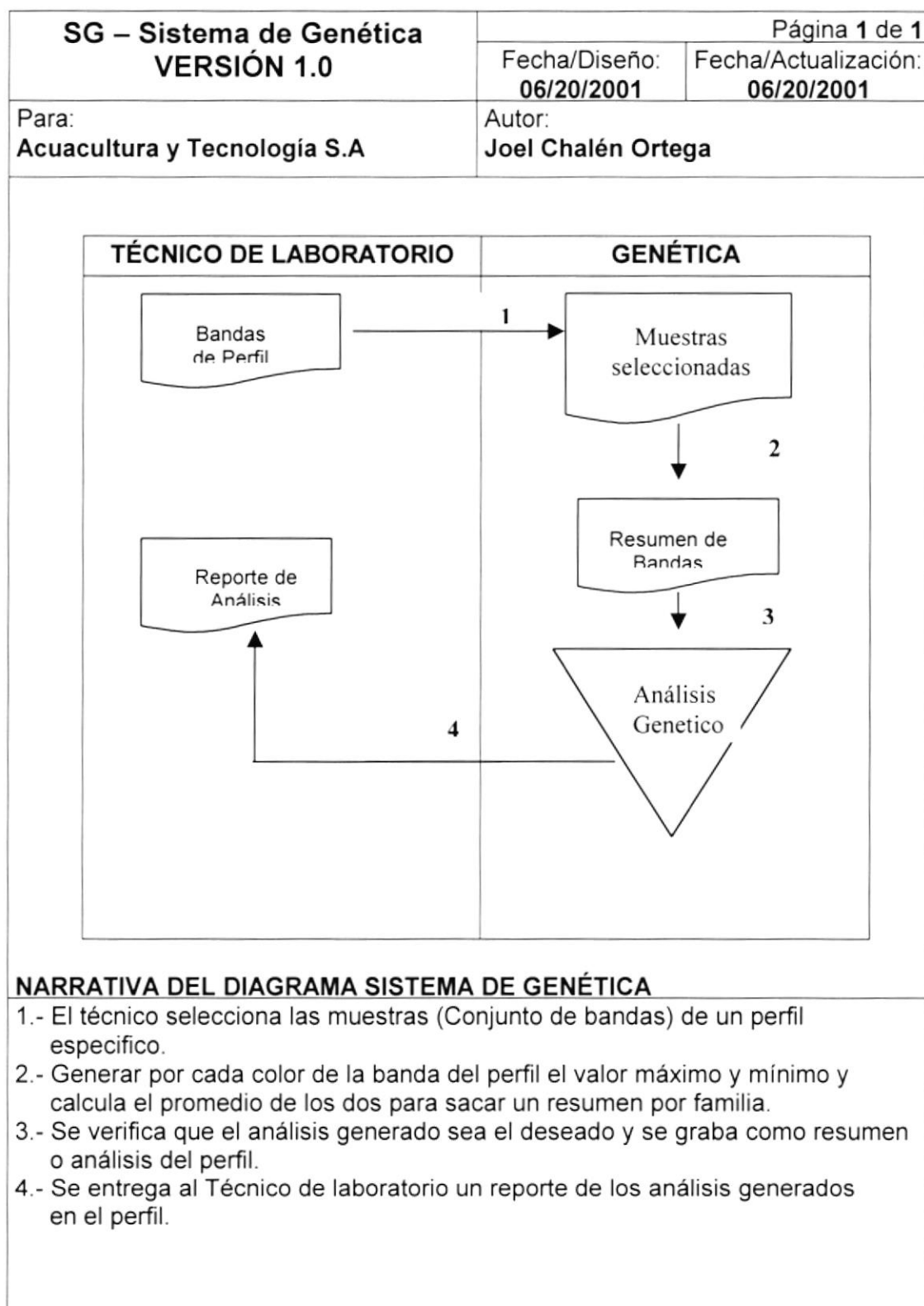
DIAGRAMAS DE FLUJO DE INFORMACIÓN

3. DIAGRAMA DE FLUJO DE DATOS.

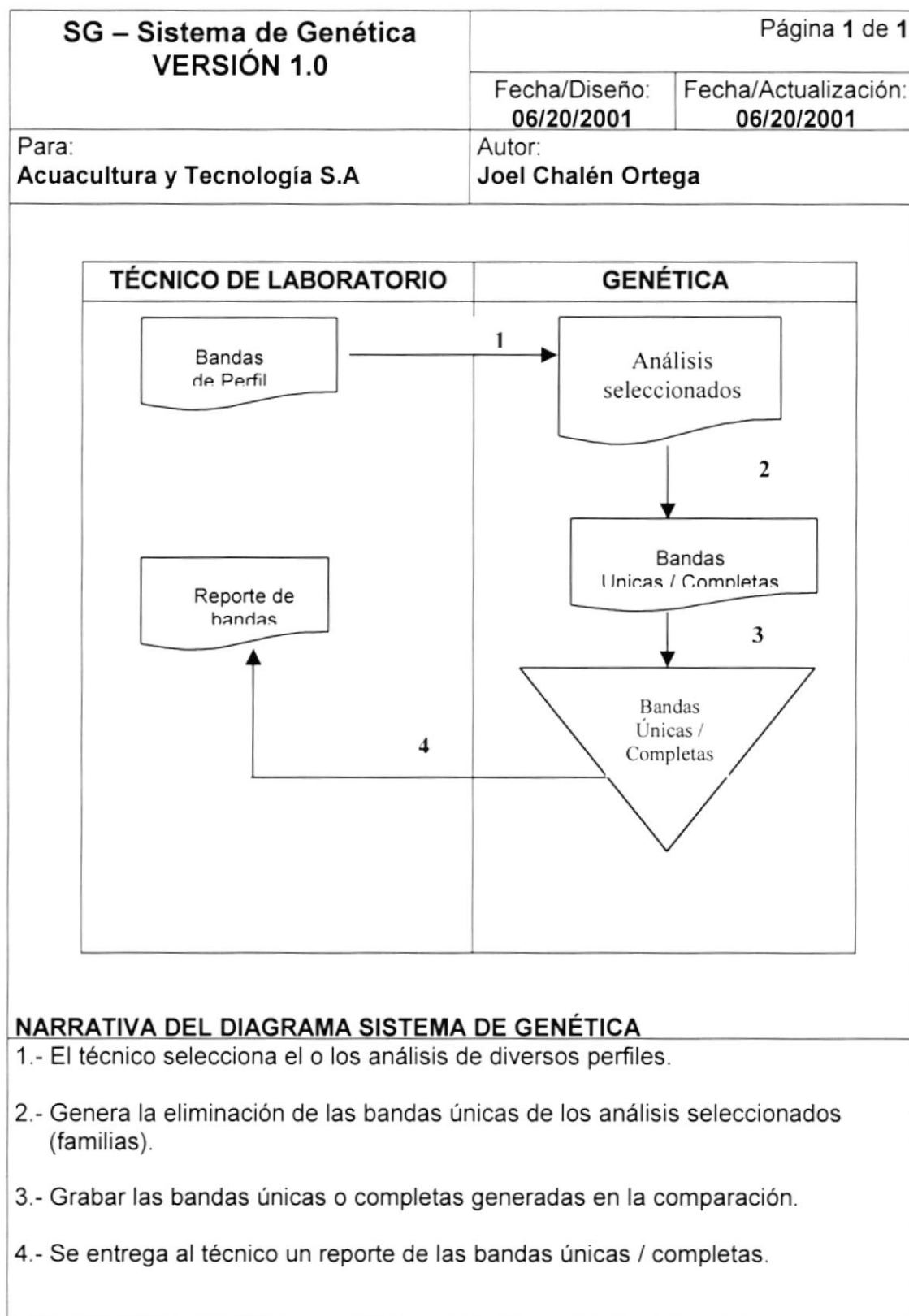
3.1. INGRESO DE BANDAS BASES.



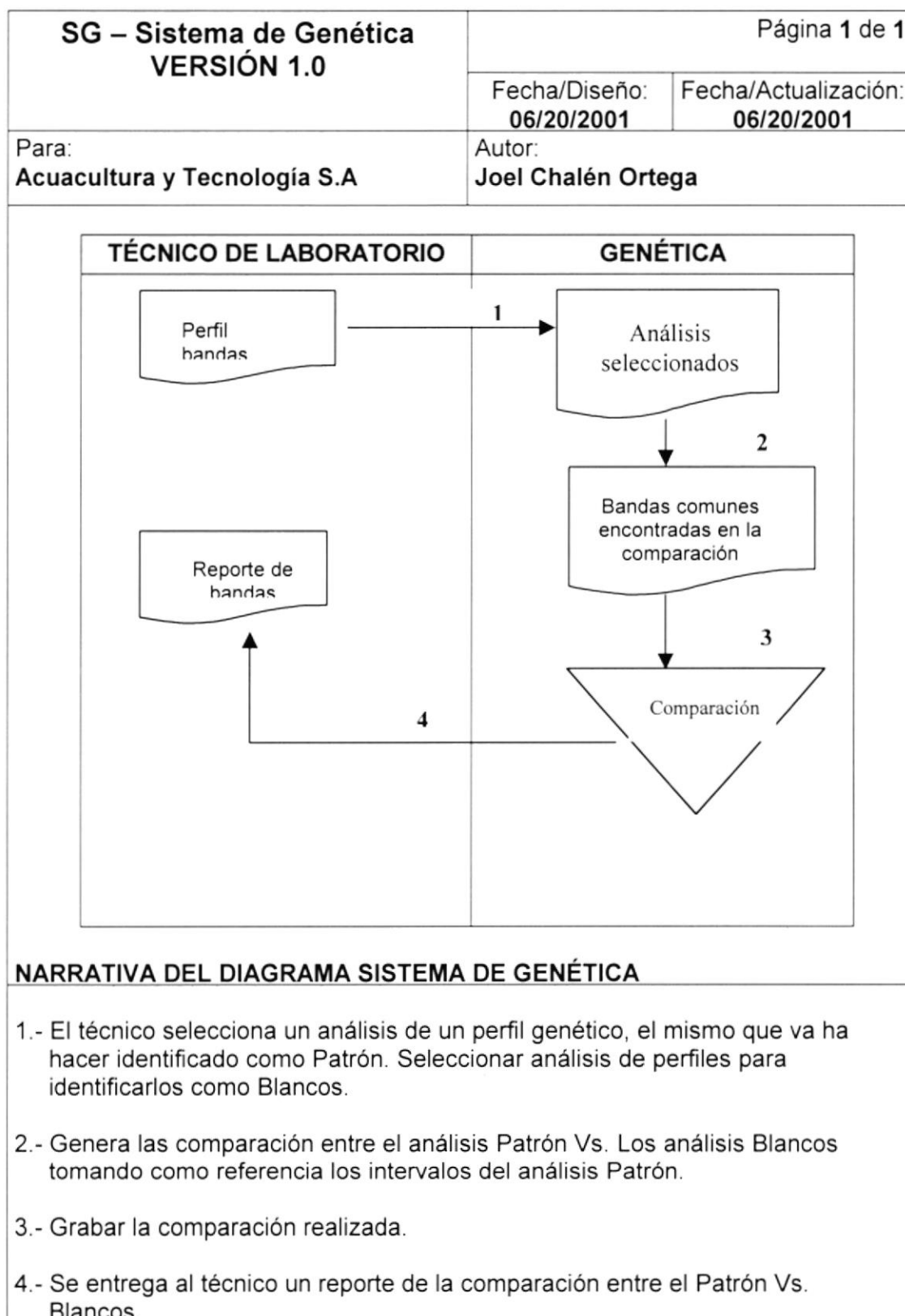
3.2. GENERACIÓN DE RESUMEN DE BANDAS.



3.3. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS Y COMPLETAS.

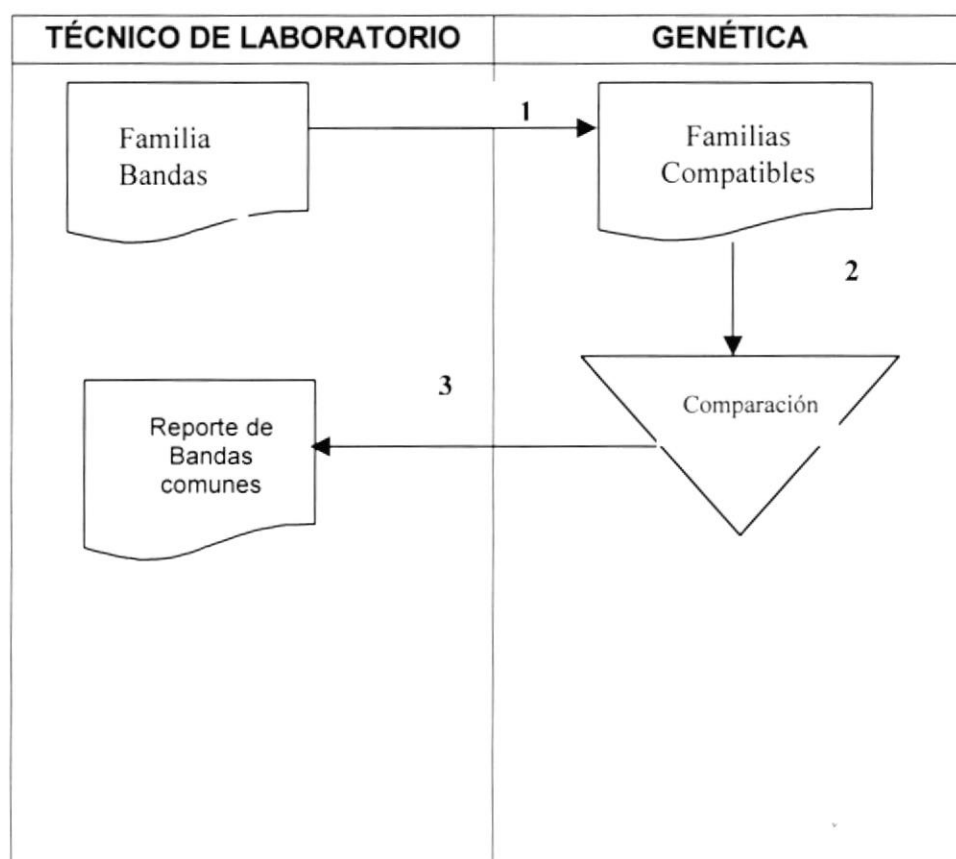


3.4. COMPARACIÓN DE PATRÓN VS. BLANCOS.



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**

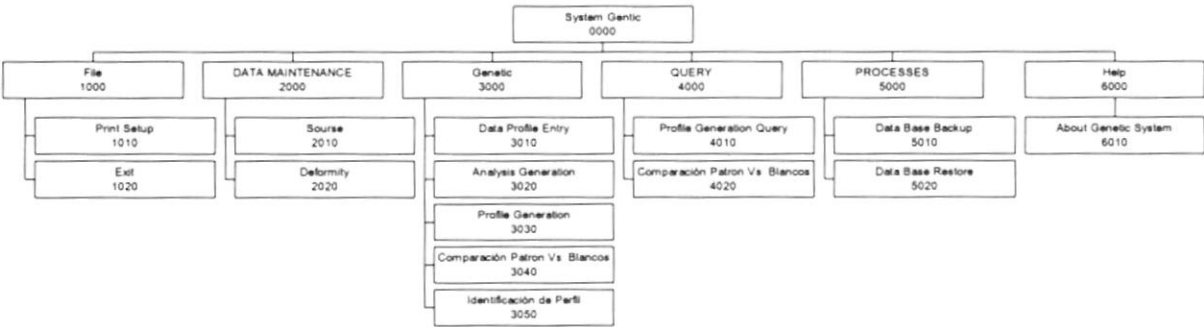
- 1.- El técnico selecciona la familia o banda (única / completa) generada en la generación de perfil.
- 2.- Identifico que tipo de comparación se va a realizar Único Vs. Completo, Único Vs. Único, Completo Vs. Completo y Completo Vs. Único. Grabo la comparación identificándola con un secuencial.
- 3.-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



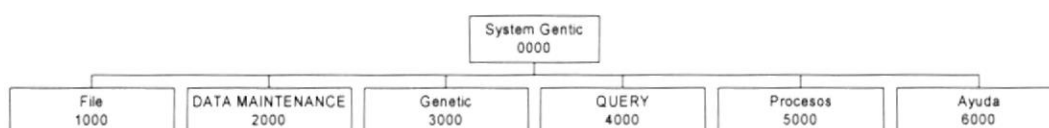
CAPÍTULO 4.

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.

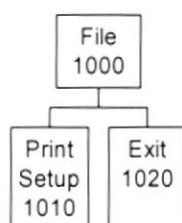
4.1.6. PROCESOS (5000).

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).



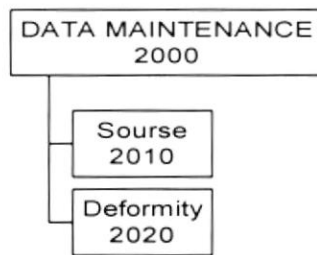
4.2.1. PRINT SETUP (1010).

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).



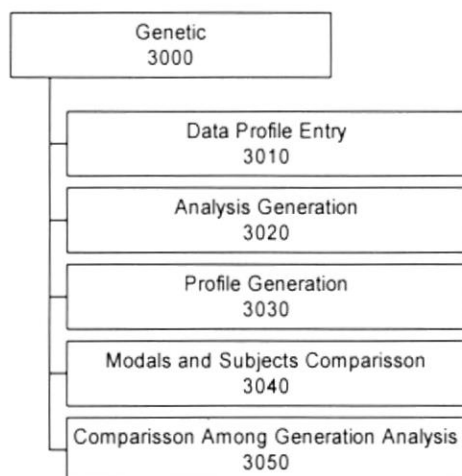
4.3.1. SOURCE (2010).

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.

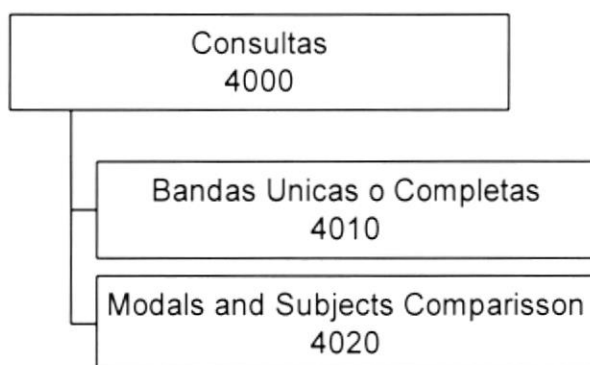
4.4.4. MODALS AND SUBJECTS COMPARISSON (3040).

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).



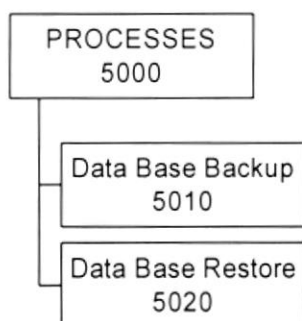
4.5.1. PROFILE GENERATION QUERY (4010).

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).



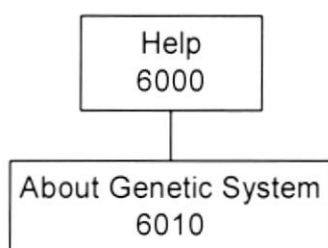
4.6.1. DATA BASE BACKUP (5010).

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.

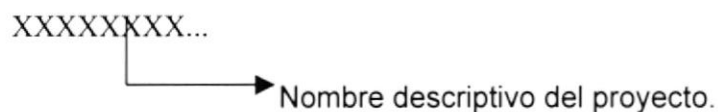
P = Parámetro.

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.

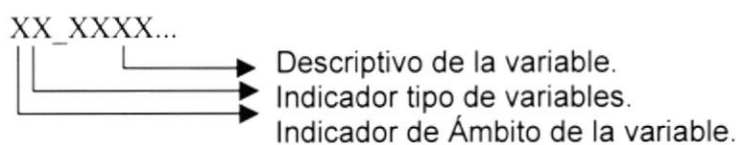
El formato del Nombre lógico:

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



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: Acuacultura 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 par_nombre	Num Text	6 20	Número del Perfil Descripción del Parámetro	✓		No 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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: Acuacultura 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				Página 1 de 1			
VERSIÓN 1.0				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: Acuacultura 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
	mc_sexo	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	Secuenical			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: Acuacultura 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: Acuacultura 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:							



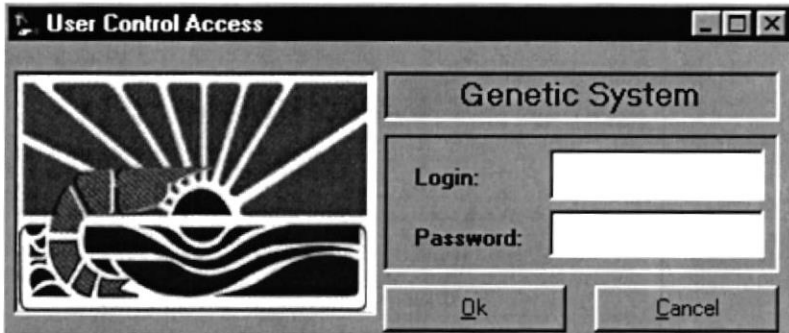
CAPÍTULO 8.

DISEÑO DE ENTRADAS Y SALIDAS

8. DISEÑO DE ENTRADAS Y SALIDAS.

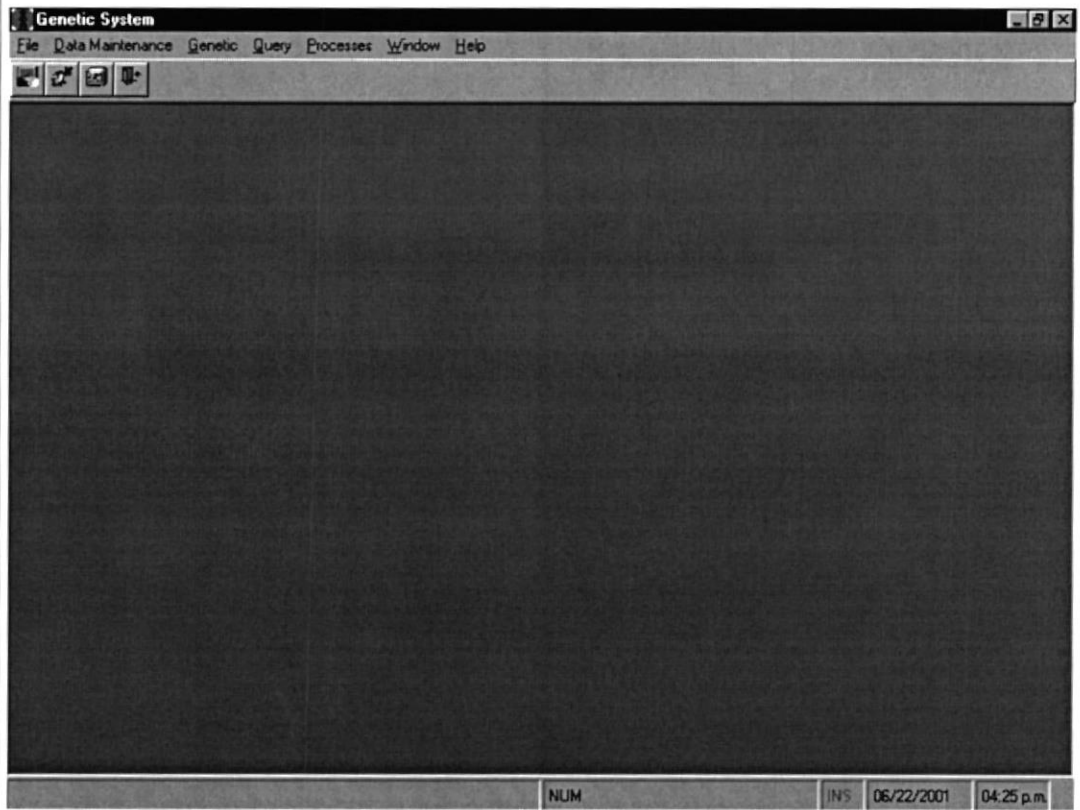
8.1. DISEÑO DE PANTALLAS.

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.			

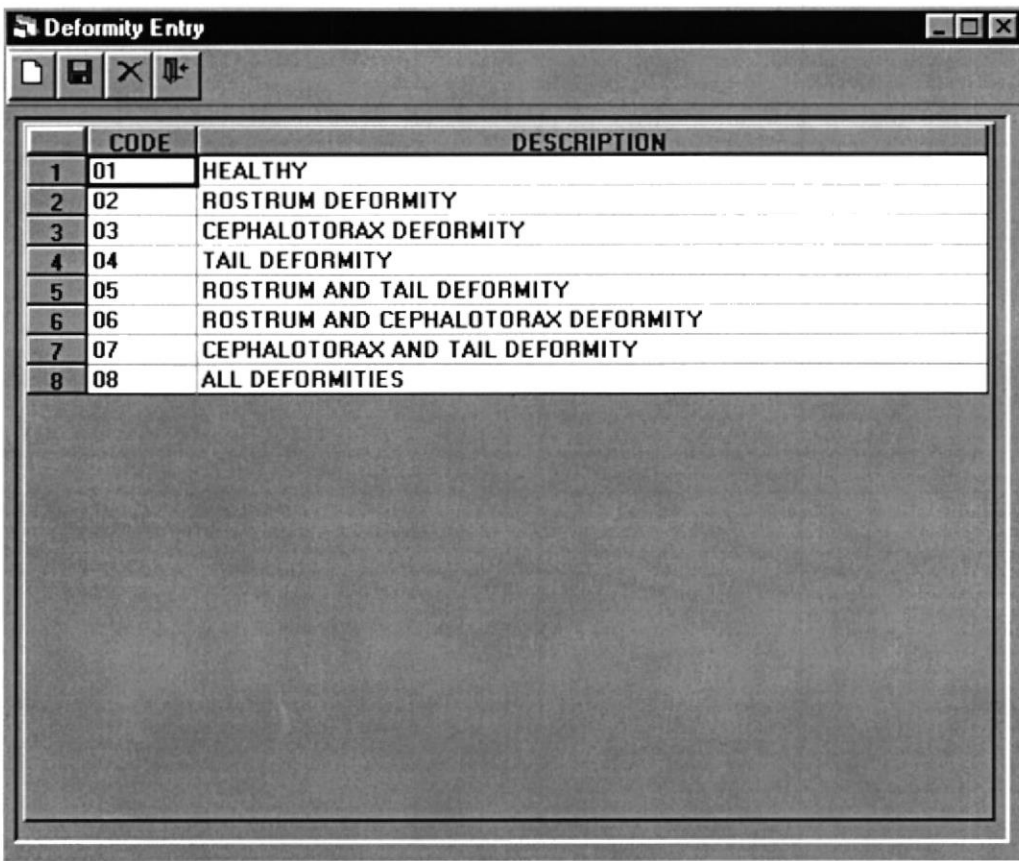
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 2 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_p_login.frm		Descripción: Ingreso al sistema.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	Tipo	Longitud	Descripción
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:			

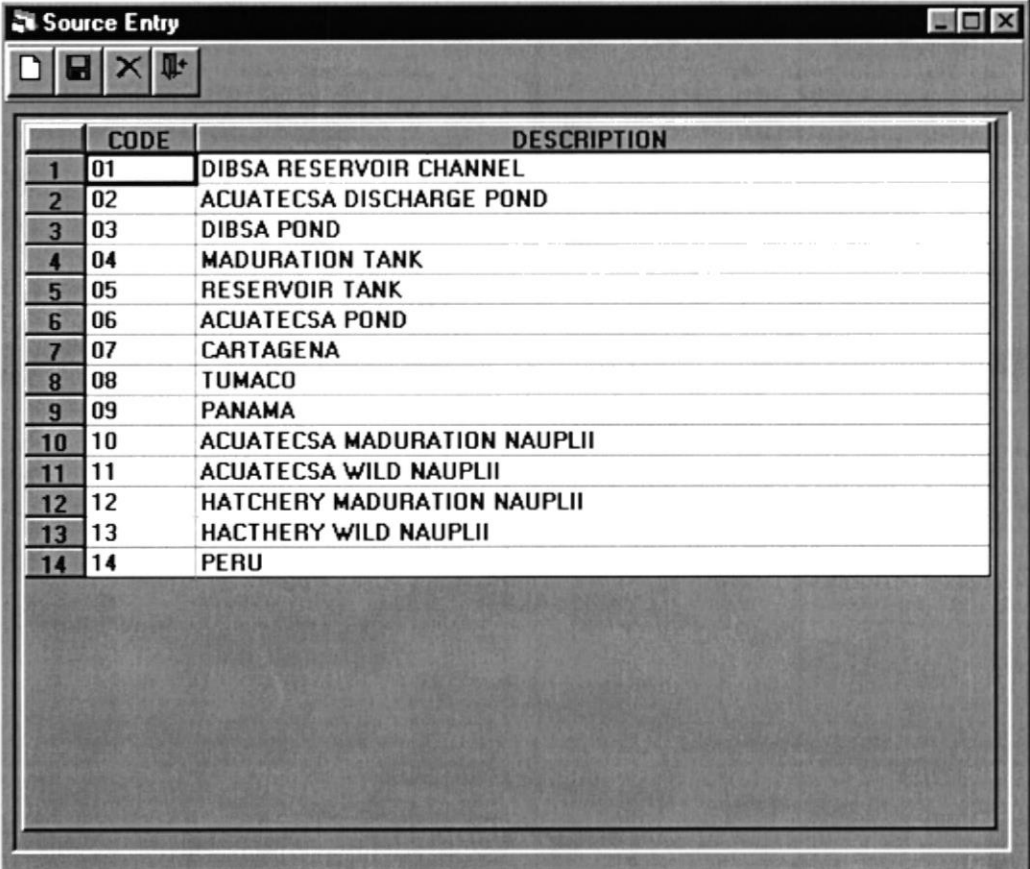
8.1.3. MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES.

SG – Sistema de Genética		Página 1 de 2																												
VERSIÓN 1.0		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																														
 <table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>CODE</th> <th>DESCRIPTION</th> </tr> </thead> <tbody> <tr><td>1</td><td>01</td><td>HEALTHY</td></tr> <tr><td>2</td><td>02</td><td>ROSTRUM DEFORMITY</td></tr> <tr><td>3</td><td>03</td><td>CEPHALOTORAX DEFORMITY</td></tr> <tr><td>4</td><td>04</td><td>TAIL DEFORMITY</td></tr> <tr><td>5</td><td>05</td><td>ROSTRUM AND TAIL DEFORMITY</td></tr> <tr><td>6</td><td>06</td><td>ROSTRUM AND CEPHALOTORAX DEFORMITY</td></tr> <tr><td>7</td><td>07</td><td>CEPHALOTORAX AND TAIL DEFORMITY</td></tr> <tr><td>8</td><td>08</td><td>ALL DEFORMITIES</td></tr> </tbody> </table>					CODE	DESCRIPTION	1	01	HEALTHY	2	02	ROSTRUM DEFORMITY	3	03	CEPHALOTORAX DEFORMITY	4	04	TAIL DEFORMITY	5	05	ROSTRUM AND TAIL DEFORMITY	6	06	ROSTRUM AND CEPHALOTORAX DEFORMITY	7	07	CEPHALOTORAX AND TAIL DEFORMITY	8	08	ALL DEFORMITIES
	CODE	DESCRIPTION																												
1	01	HEALTHY																												
2	02	ROSTRUM DEFORMITY																												
3	03	CEPHALOTORAX DEFORMITY																												
4	04	TAIL DEFORMITY																												
5	05	ROSTRUM AND TAIL DEFORMITY																												
6	06	ROSTRUM AND CEPHALOTORAX DEFORMITY																												
7	07	CEPHALOTORAX AND TAIL DEFORMITY																												
8	08	ALL DEFORMITIES																												
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 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:			

8.1.4. 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.

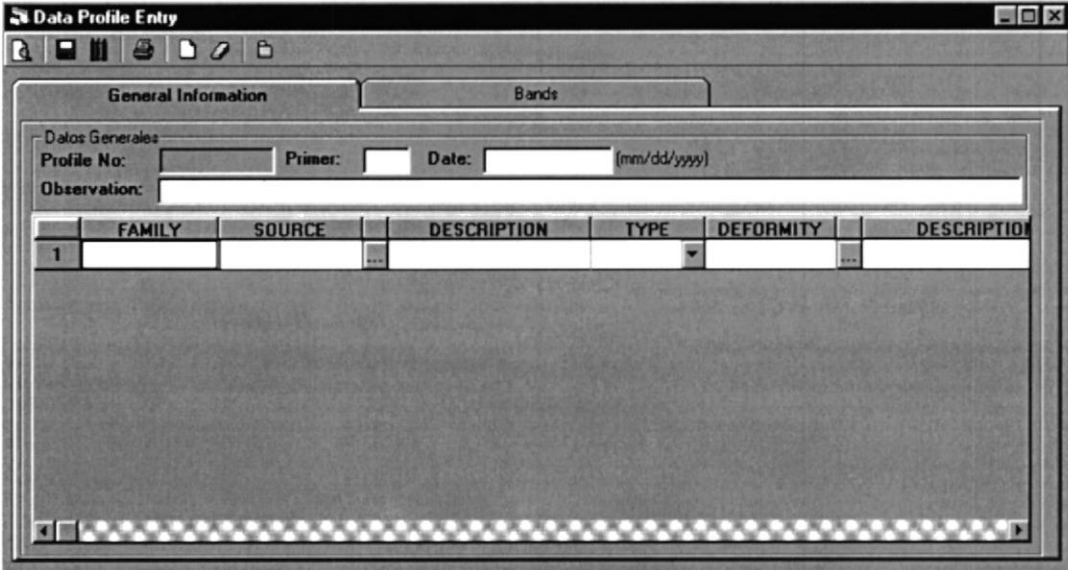
	CODE	DESCRIPTION
1	01	DIBSA RESERVOIR CHANNEL
2	02	ACUATECSA DISCHARGE POND
3	03	DIBSA POND
4	04	MADURATION TANK
5	05	RESERVOIR TANK
6	06	ACUATECSA POND
7	07	CARTAGENA
8	08	TUMACO
9	09	PANAMA
10	10	ACUATECSA MADURATION NAUPLII
11	11	ACUATECSA WILD NAUPLII
12	12	HATCHERY MADURATION NAUPLII
13	13	HATCHERY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

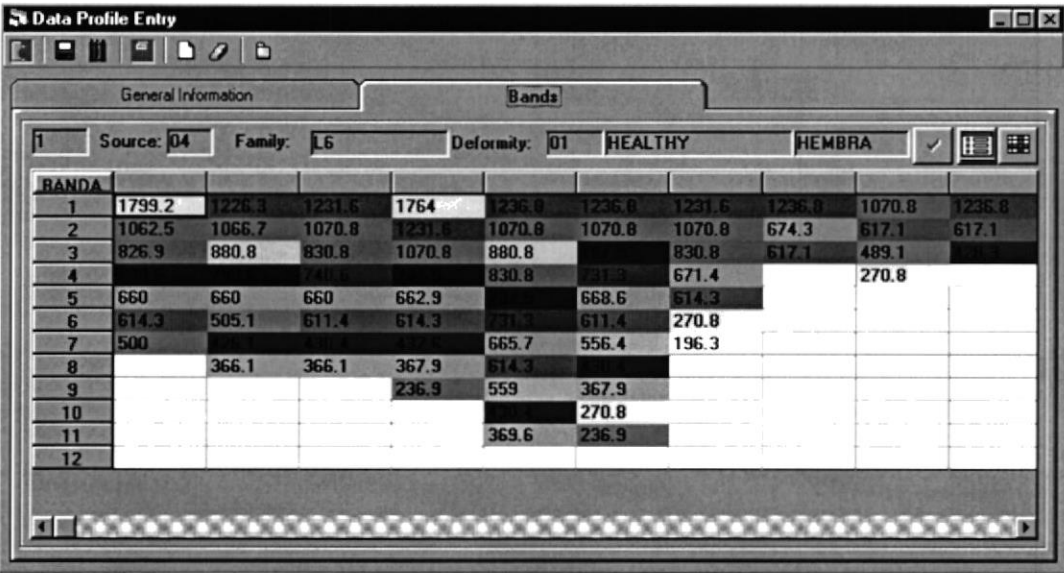
Observaciones:

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_orígenes.frm		Descripción: Mantenimiento de orígenes.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	Tipo	Longitud	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:			

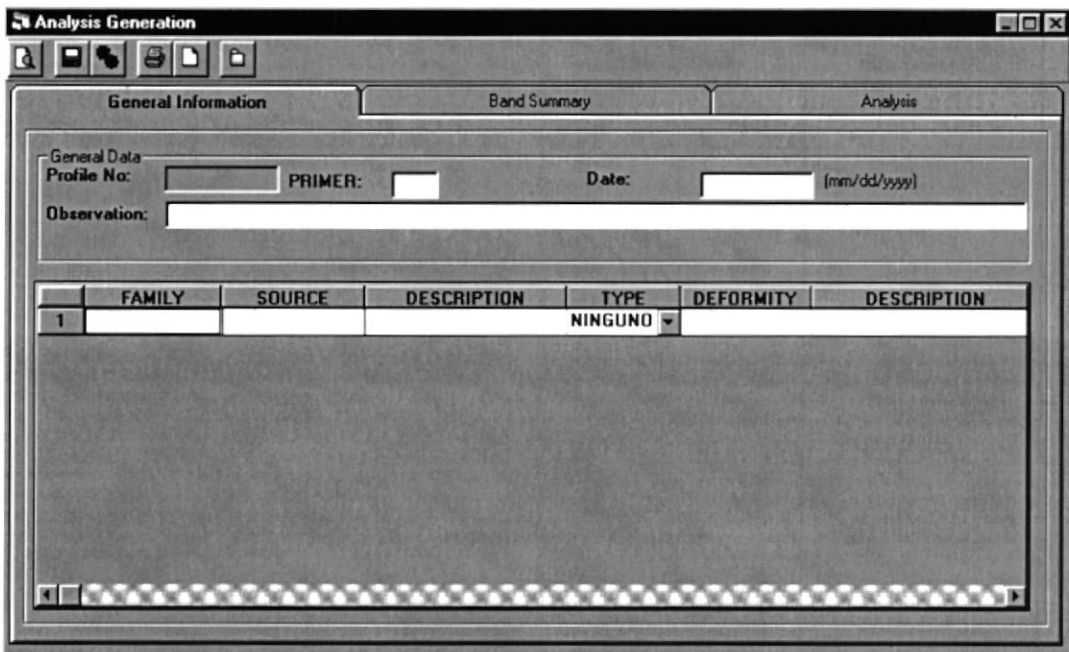
8.1.5. REGISTRO DE PERFIL BASE.

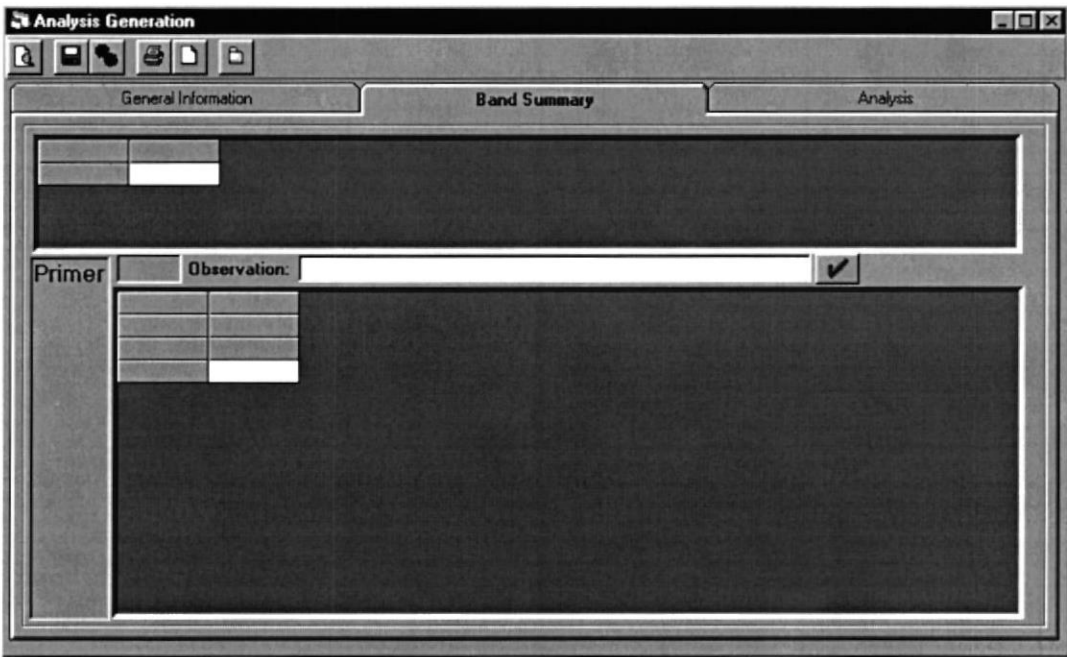
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 1 de 3	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm		Descripción: Ingreso de perfil base.	
DISEÑO FORMATO PANTALLAS			
			
Observaciones: 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.			

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.			

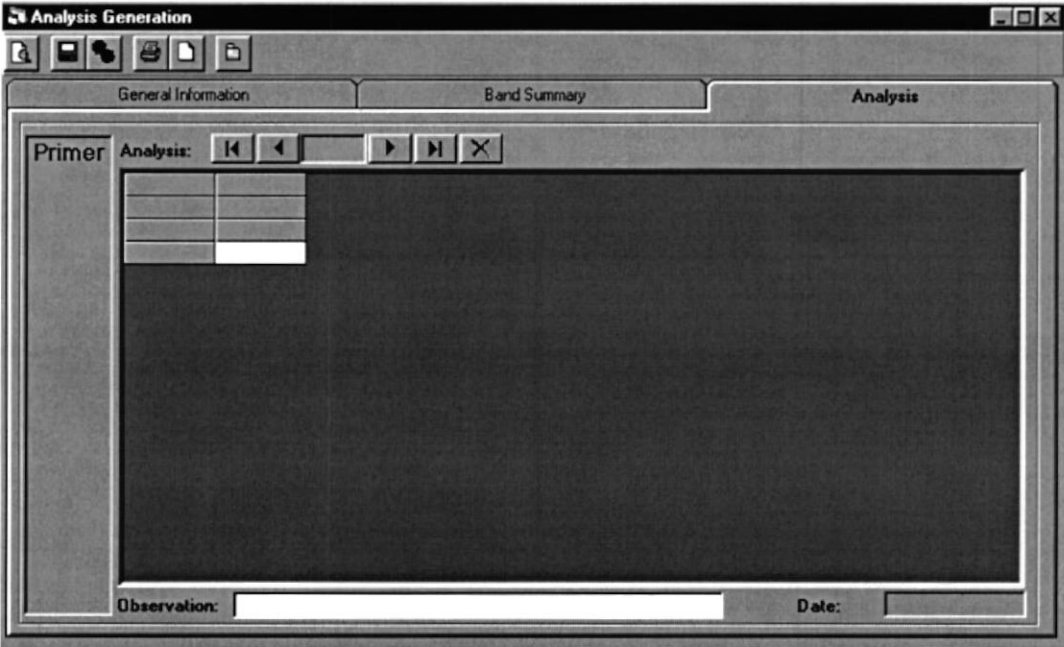
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 3 de 3	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm		Descripción: Ingreso de perfil base.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	Tipo	Longitud	Descripción
Lbletiqueta(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			
			
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		Página 2 de 4	
VERSIÓN 1.0		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_analisis.frm		Descripción: Generar análisis genéticos.	
DISEÑO FORMATO PANTALLAS			
			
Observaciones: Muestra el resumen de las bandas seleccionadas, creando el análisis para grabarlo al perfil seleccionado.			

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			

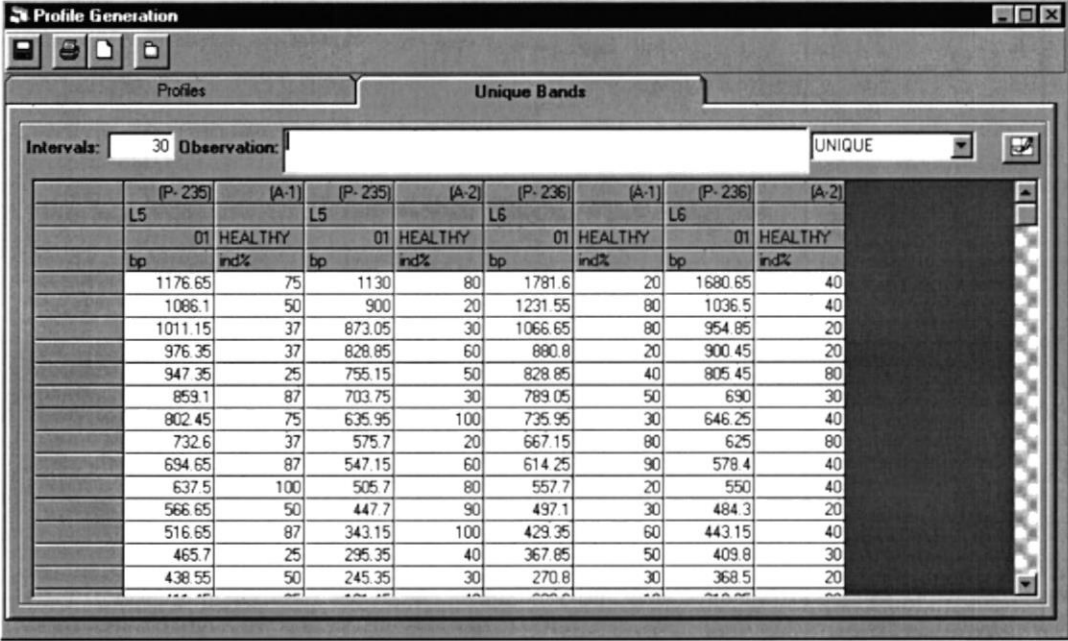


Observaciones:
Muestra todos los análisis generados del perfil.

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	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 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 Siguiente análisis.
cmdAnálisis(3)	commandbutton	-	Va al final de los análisis.
cmdAnálisis(2)	commandbutton	-	Elimina el análisis actual.
Observaciones:			

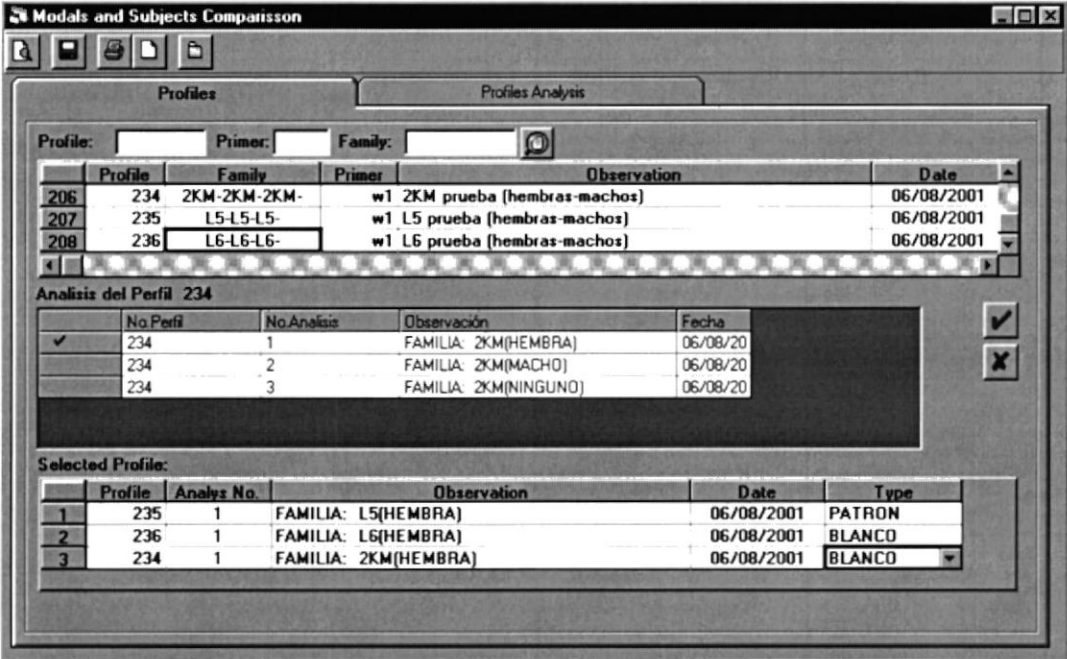
8.1.7. GENERACIÓN DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

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		Página 2 de 3	
VERSIÓN 1.0		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: 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		Página 1 de 3	
VERSIÓN 1.0		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

Model:				Subjects:			
	P- 235	A-11			P- 234	A-1	
1	L5	24		L6	01	HEALTHY	01
2	01	HEALTHY		bp	ind%	bp	ind%
3	bp	ind%	>=				
4			<=				
5	1176.65	75	30	1781.6	20	1170.85	50
6	1086.1	50	30	1231.55	80	1068.2	30
7	1011.15	37	30	1066.65	80	1004.8	20
8	976.35	37	30	880.8	20	896.5	70
9	947.35	25	30	828.85	40	859.3	50
10	859.1	87	30	789.05	50	811.1	40
11	802.45	75	30	735.95	30	777.15	60
12	732.6	37	30	667.15	80	684.3	90
13	694.65	87	30	614.25	90	630.05	100
14	637.5	100	30	557.7	20	580.25	100
15	566.65	50	30	497.1	30	523.15	60
16	516.65	87	30	429.35	60	495.6	80
17	465.7	25	30	367.85	50	438.4	90
18	438.55	50	30	270.8	30	364.45	80
19	411.45	25	20	236.9	10	320.45	100
20						278.2	30

Observaciones:

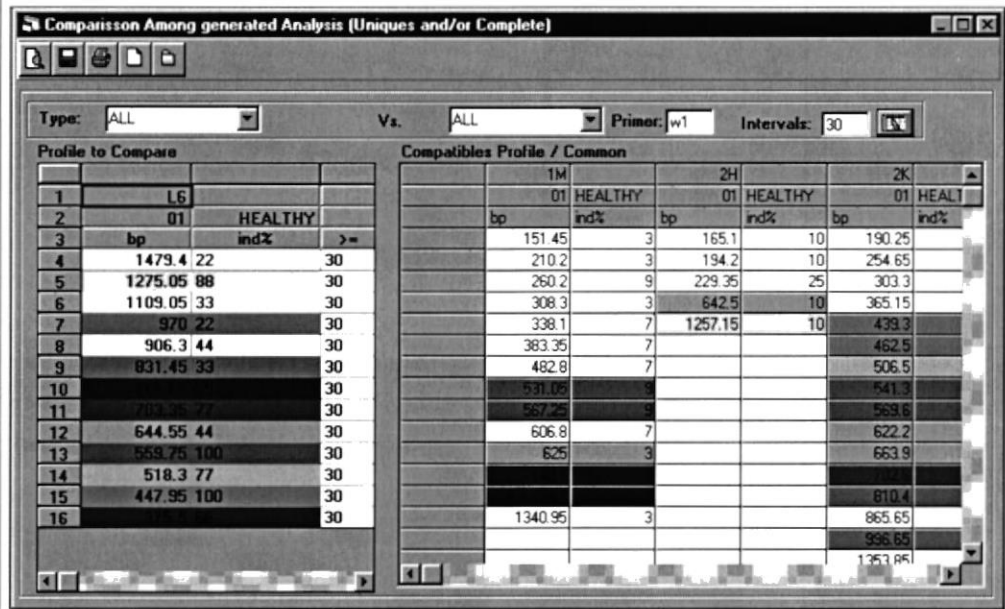
Muestra todas las bandas de las familias identificadas como Patrón(Model) Vs, las bandas de las familias Blancos (Subjects).

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
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:			

8.1.9. 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

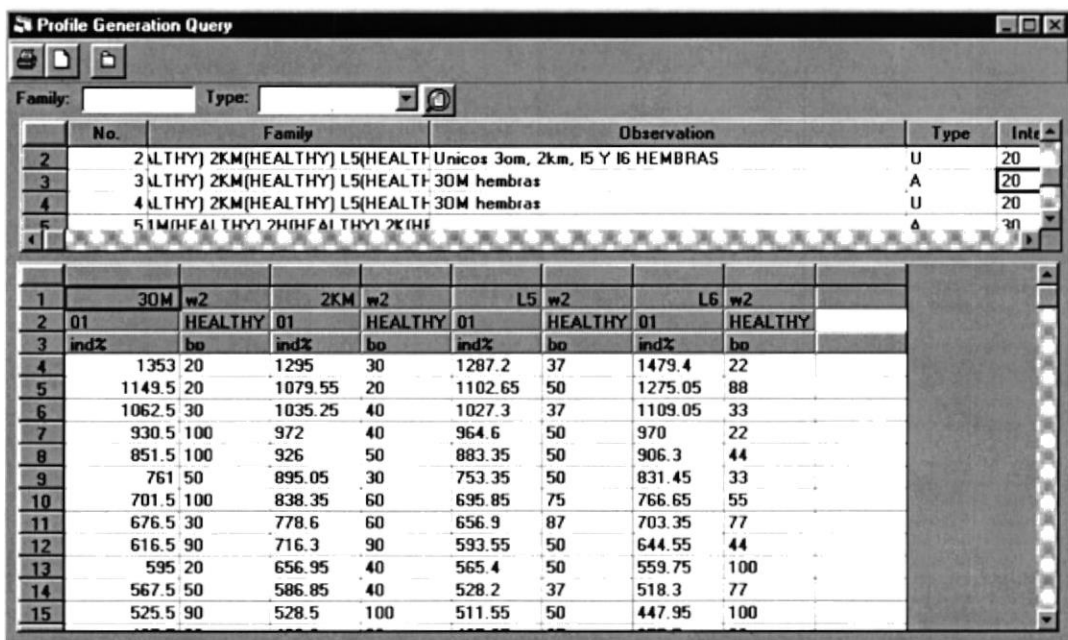


Observaciones:

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.
grdBandas_Comunes	Grid	-	Tipo Única / Completa
tlb_herramienta	ToolBar	-	Bandas compatibles .
Nuevo	Button	-	Barra de herramientas.
Grabar	Button	-	Ingresa un nuevo registro.
Eliminar	Button	-	Graba los registros actuales.
Salir	Button	-	Elimina el registro o fila actual.
			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: Acuacultura 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			
 The screenshot shows a software window titled "Profile Generation Query". It contains a table with the following columns: No., Family, Observation, Type, and Int. The table lists several rows of genetic data, including family names like "2(LTHY) 2KM(HEALTHY) L5(HEALTHY) Unicos 3om, 2km, 15 Y 16 HEMBRAS" and numerical values for "ind%" and "bo".			
Observaciones: Permite consultar las bandas únicas o bandas completas de cada comparación realizada.			

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.
tlb_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

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

Models and Subjects Comparisson

Family:

	No.	Family Patron	Family Blanco	Date
1	1	30M(HEALTHY)	2KM(HEALTHY) L5(HEALTHY) L6(HEALT	06/18/2001
2	2	30M(HEALTHY)	2KM(HEALTHY) L5(HEALTHY) L6(HEALT	06/18/2001
3	3	30M(HEALTHY)	2KM(HEALTHY) L5(HEALTHY) L6(HEALT	06/18/2001

Model:

1				
2	30M			
3	01			
4	bp	ind%	>=	<=
5	1353	20	20	20
6	1149.5	20	20	20
7	1062.5	30	20	20
8	930.5	100	20	20
9	851.5	100	20	20
10	761	50	20	20
11	701.5	100	20	20
12				
13	616.5	90	20	20
14				
15	567.5	50	20	20

Subjects:

1		2KM			L5		
2	01	HEALTHY	01	HEALTHY	01	L6	HEALTHY
3	ind%	bo	ind%	bo	ind%	bo	
4		1079.55	20	1102.65	50	1275.05	88
5		1035.25	40	1027.3	37	1109.05	33
6		972	40	964.6	50	970	22
7		828.50		883.35	50	906.3	44
8		895.05	30	753.35	50	831.45	33
9		838.35	60	695.85	75	766.65	55
10		778.6	60			703.35	77
11		716.3	90	583.55	50	644.55	44
12				565.4	50	559.75	100
13		586.85	40	528.2	37	518.3	77
14		528.5	100	511.55	50	447.95	100
15							

Observaciones:
Permite consultar las comparaciones que se ha realizado con familias o perfiles especificos (Patrón vs. Blancos). Se lo identifica por un secuencial Único.

PROTCOM

Capítulo: 8 – Página: 26

ESPOL

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		Página 1 de 2	
VERSIÓN 1.0		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:

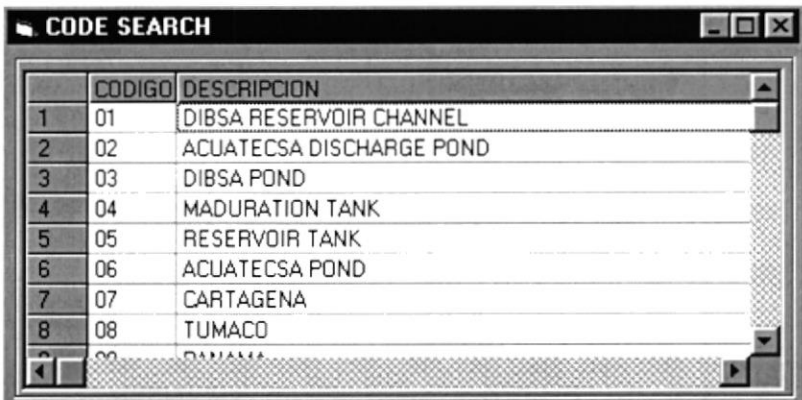
	FECHA	No.MUESTRA	FAMILIA	PRIME	OBSERVACION
1	01/01/2000	16	D-2H-2K-3I-3O-HP-	W1	NINGUNA
2	01/02/2000	17	2D-2H-2K-3I-3O-HP-	W2	NINGUNA
3	01/03/2000	18	2D-2H-2K-3I-3O-HP-	W3	NINGUNA
4	01/04/2000	19	2D-2H-2K-3I-3O-HP-	W4	NINGUNA
5	01/04/2000	20	2D-2H-2K-3I-3O-HP-	W4	NINGUNA
6	01/05/2000	21	2H-2K-3I-3O-HP-1J-	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.

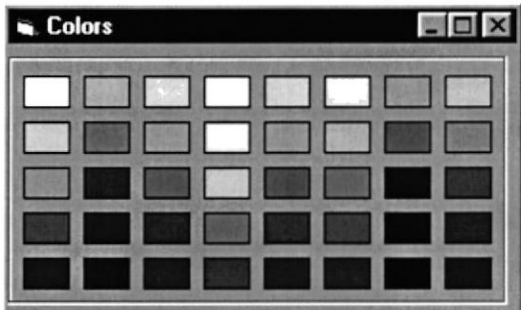
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 2 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_c_bus_perfiles.frm		Descripción: Consulta de perfiles.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	Tipo	Longitud	Descripción
Txtcampo(3)	TextBox	3	Número del perfil.
Txtcampo(2)	Spread	3	Número del primer.
Txtcampo(1)	Spread	10	Código de la familia.
Grdresultado	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		Página 1 de 2	
VERSIÓN 1.0		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_consulta_códigos.frm		Descripción: Consulta de códigos.	
DISEÑO FORMATO PANTALLAS			
			
Observaciones: Permite consulta todos los códigos de las tablas maestras.			

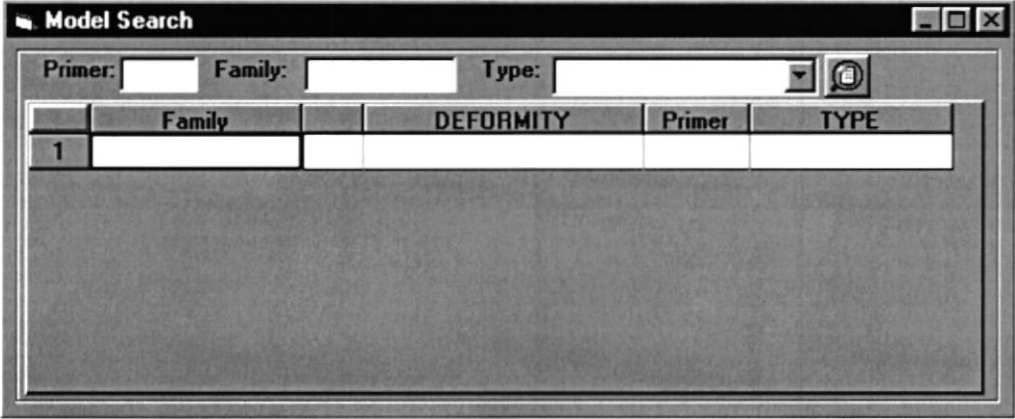
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 2 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_c_consulta_códigos.frm		Descripción: Consulta de códigos.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	Tipo	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			
			
Observaciones: Permite consultar un catálogo de colores para asignar a los rangos de valores de los perfiles, para poder pintar las bandas			

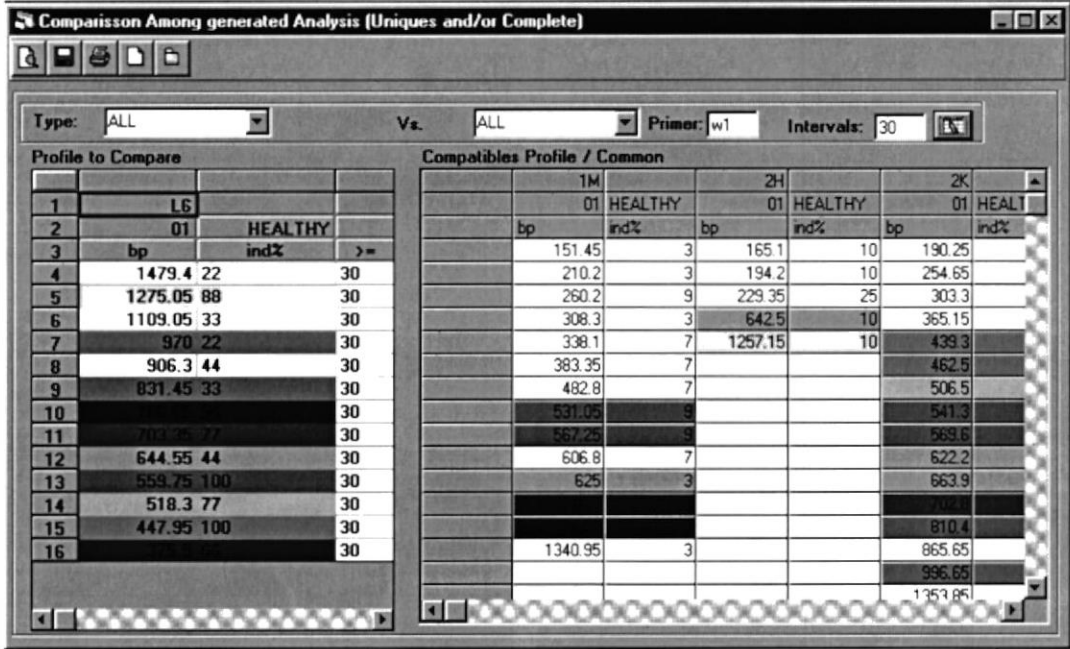
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 2 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_c_paleta_colores.frm		Descripción: Consulta paleta de colores.	
LISTA DE ELEMENTOS			
Nombre del objeto	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: Acuacultura 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.		

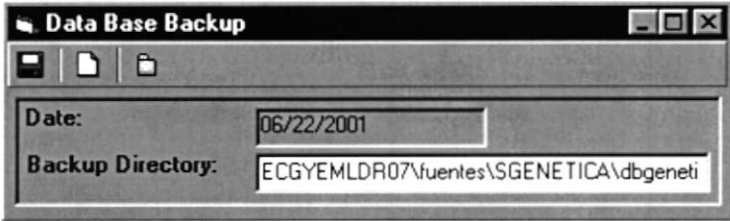
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 2 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_c_bandas_finales.frm		Descripción: Consulta de bandas Únicas / completas	
LISTA DE ELEMENTOS			
Control	Tipo	Longitud	Descripción
TxtCampo(2)	TextBox	-	Primer.
TxtCampo(1)	TextBox	-	Familia.
optType	Combox	-	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	
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Fecha/Diseño: 06/20/2001	
Nombre del Archivo: sg_p_comparacion_bandas.frm		Fecha/Actualización: 06/20/2001	
		Autor: Joel Chalén Ortega	
		Descripción: Identificación de perfiles compatibles.	
DISEÑO FORMATO PANTALLAS			
			
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		
		
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.		

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_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		
The screenshot shows a Windows-style dialog box titled "Data Base Restore". It has a standard Windows 95/NT interface with a title bar, minimize, maximize, and close buttons. Below the title bar is a toolbar with a folder icon and a document icon. The main area contains two labeled text boxes: "Date:" with the value "06/22/2001" and "Backup Directory:" with the value "ECGYEMLDRO7\ Fuentes\SGENETICA\dbgeneti".		
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 REPORTES.
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																																						
<table border="1"><thead><tr><th>NRO: FILE</th><th>FAMILIA</th><th>SOURCE</th><th>DESCRIPTION</th><th>TYPE</th><th>DEFORMITY</th></tr></thead><tbody><tr><td>999</td><td>XXXXXXXX</td><td>XX</td><td>XXXXXXXXXX</td><td>XXXXXXXX</td><td>XXXXXXXX</td></tr><tr><td>BANDS</td><td>bp</td><td>bp</td><td>bp</td><td>bp</td><td></td></tr><tr><td>99</td><td>999.99</td><td>999.99</td><td>999.9</td><td>999.9</td><td></td></tr><tr><td>99</td><td>999.99</td><td>999.99</td><td>999.9</td><td>999.9</td><td></td></tr><tr><td>99</td><td>999.99</td><td>999.99</td><td>999.9</td><td>999.9</td><td></td></tr></tbody></table>			NRO: FILE	FAMILIA	SOURCE	DESCRIPTION	TYPE	DEFORMITY	999	XXXXXXXX	XX	XXXXXXXXXX	XXXXXXXX	XXXXXXXX	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	
NRO: FILE	FAMILIA	SOURCE	DESCRIPTION	TYPE	DEFORMITY																																	
999	XXXXXXXX	XX	XXXXXXXXXX	XXXXXXXX	XXXXXXXX																																	
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: Nos muestra todas las familias que contiene un perfil especifico, 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.													
 ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A. REPORTE GENERAL FAMILIA POR PERFIL PAG: 1 DE 1 FECHA: MM/DD/YYYY PROFILE: 99999 PRIMER: XXX DATE : MM/DD/YYYY OBSERVACIÓN: XX <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; margin-top: 10px;"> <thead> <tr> <th>NRO: FILE</th> <th>FAMILIA</th> <th>SOURCE</th> <th>DESCRIPTION</th> <th>TYPE</th> <th>DEFORMITY</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td style="text-align: center;">999</td> <td style="text-align: center;">XXXXXXXX</td> <td style="text-align: center;">XX</td> <td style="text-align: center;">XXXXXXXXXX</td> <td style="text-align: center;">XXXXXXXX</td> <td style="text-align: center;">XXXXXXXXXX</td> </tr> </tbody> </table>			NRO: FILE	FAMILIA	SOURCE	DESCRIPTION	TYPE	DEFORMITY	999	XXXXXXXX	XX	XXXXXXXXXX	XXXXXXXX	XXXXXXXXXX
NRO: FILE	FAMILIA	SOURCE	DESCRIPTION	TYPE	DEFORMITY									
999	XXXXXXXX	XX	XXXXXXXXXX	XXXXXXXX	XXXXXXXXXX									
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: Acuacultura 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

REPORTE REPORTE DE PEFIL CON MASCARA

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	XXXXXXXXX	XX	XXXXXXXXXXXX	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	

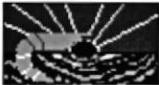
Observaciones:

Muestra las bandas de una familia de un perfil en un formato especifico, en orden de valor y color.

8.2.4. REPORTE DE ANÁLISIS DE 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 de análisis de perfil		Descripción: Todos los análisis que se pertenecen a un perfil.							
 ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A REPORTE DE ANÁLISIS DE PERFIL PAG: 1 DE 1 FECHA: MM/DD/YYYY									
PROFILE: 99999PRIMER: XXXDATE : MM/DD/YYYY OBSERVACIÓN: XX									
ANÁLISIS: 999OBSERVACION: XX FECHA: DD/MM/YYYY									
FAMILIA 1 DEFORMIDAD		FAMILIA 2 DEFORMIDAD		FAMILIA 3 DEFORMIDAD		FAMILIA 4 DEFORMIDAD		FAMILIA 5 DEFORMIDAD	
BP	IND	BP	IND %	BP	IND %	BP	IND %	BP	IND %
9999.99	99	9999.99	99	9999.99	99	9999.99	99	9999.99	99
Observaciones:									

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.																															
 FECHA: MM/DD/YYYY INTERVALS: 999 ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A REPORTE DE COMPARACION DE PATRÓN / BLANCO PERFIL PARA COMPARAR TYPE: XXXXXXXX <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th colspan="4">PATRÓN</th> </tr> <tr> <th colspan="4">FAMILIA DEFORMIDAD</th> </tr> <tr> <th>BP</th> <th>IND %</th> <th>>=</th> <th><=</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> </tr> <tr> <td>9999.99</td> <td>999</td> <td>99</td> <td>99</td> </tr> </tbody> </table> PERFILES COMPATIBLES TYPE : XXXXXXXX <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <thead> <tr> <th colspan="2">BLANCO</th> </tr> <tr> <th colspan="2">FAMILIA DEFORMIDAD</th> </tr> <tr> <th>BP</th> <th>IND %</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> <tr> <td>9999.99</td> <td>99</td> </tr> </tbody> </table>				PATRÓN				FAMILIA DEFORMIDAD				BP	IND %	>=	<=	9999.99	999	99	99	9999.99	999	99	99	BLANCO		FAMILIA DEFORMIDAD		BP	IND %	9999.99	99	9999.99	99
PATRÓN																																	
FAMILIA DEFORMIDAD																																	
BP	IND %	>=	<=																														
9999.99	999	99	99																														
9999.99	999	99	99																														
BLANCO																																	
FAMILIA DEFORMIDAD																																	
BP	IND %																																
9999.99	99																																
9999.99	99																																
Observaciones:																																	

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: Acuacultura y Tecnología S.A	Autor: Joel Chalén Ortega																															
Nombre del Archivo: Reporte identificación de perfil	Descripción: Ingreso al sistema.																															
 ACUACULTURA Y TECNOLOGÍA S.A REPORTE DE IDENTIFICACIÓN DE PERFIL FECHA: MM/DD/YYYY INTERVALS: 999 <table border="1"><thead><tr><th colspan="4">PATRÓN</th></tr><tr><th colspan="4">FAMILIA DEFORMIDAD</th></tr><tr><th>BP</th><th>IND %</th><th>>=</th><th><=</th></tr></thead><tbody><tr><td>9999.99</td><td>999</td><td>99</td><td>99</td></tr><tr><td>9999.99</td><td>999</td><td>99</td><td>99</td></tr></tbody></table><table border="1"><thead><tr><th colspan="2">BLANCO</th></tr><tr><th colspan="2">FAMILIA DEFORMIDAD</th></tr><tr><th>BP</th><th>IND %</th></tr></thead><tbody><tr><td>9999.99</td><td>99</td></tr><tr><td>9999.99</td><td>99</td></tr></tbody></table> 			PATRÓN				FAMILIA DEFORMIDAD				BP	IND %	>=	<=	9999.99	999	99	99	9999.99	999	99	99	BLANCO		FAMILIA DEFORMIDAD		BP	IND %	9999.99	99	9999.99	99
PATRÓN																																
FAMILIA DEFORMIDAD																																
BP	IND %	>=	<=																													
9999.99	999	99	99																													
9999.99	999	99	99																													
BLANCO																																
FAMILIA DEFORMIDAD																																
BP	IND %																															
9999.99	99																															
9999.99	99																															
Observaciones:																																



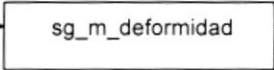
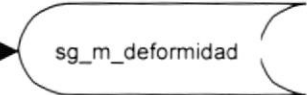
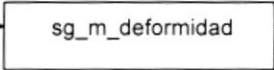
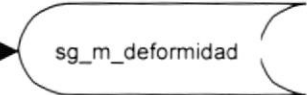
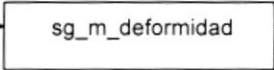
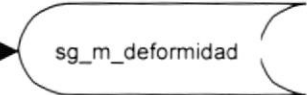
CAPÍTULO 9.

DIAGRAMA IPO Y NARRATIVAS DE PROGRAMAS

9. DIAGRAMA IPO Y NARRATIVAS DE PROGRAMAS.

9.1. MANTENIMIENTO DE DEFORMIDADES.

9.1.1. IPO DE DEFORMIDADES.

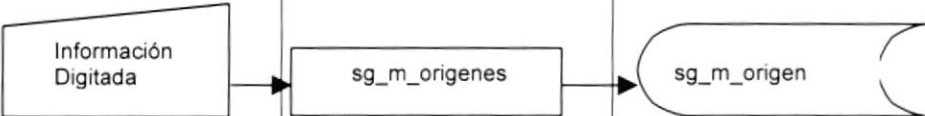
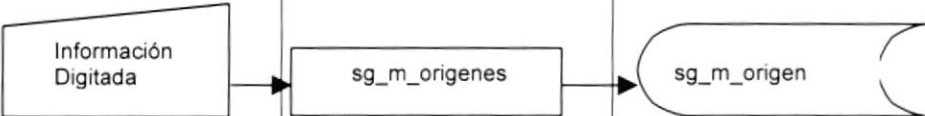
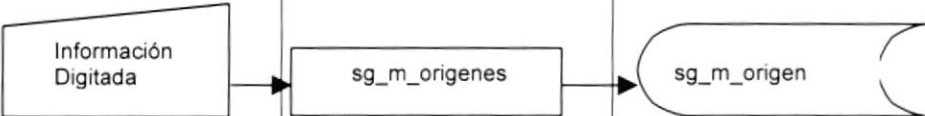
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0	Página 1 de 2							
	Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001						
Para: Acuacultura y Tecnología S.A	Autor: Joel Chalén Ortega							
Nombre del Archivo: sg_m_deformidad.frm	Menú: mnu_mant							
DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS								
<table border="1"> <thead> <tr> <th>ENTRADA</th> <th>PROCESO</th> <th>SALIDA</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="323 924 553 1037">  </td> <td data-bbox="612 968 884 1037">  </td> <td data-bbox="943 942 1248 1037">  </td> </tr> </tbody> </table>	ENTRADA	PROCESO	SALIDA					
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
El mantenimiento de códigos de deformidades tiene como objetivo ingresar nuevos códigos, modificar o eliminar códigos existentes. 1. Carga del formulario. 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. 2. Ingresar una deformidad. 1. Se agrega una nueva fila al spread de deformidades. 2. Se graba en la tabla de sg_m_deformidad. 3. Modificación deformidad. 1. Al modificar la descripción de la deformidad se valida que no sea mandatoria o sea no vacía. 2. Al grabar los cambios se envía los códigos de deformidades con su respectivas descripciones, se actualiza en la tabla sg_m_deformidad. 4. Eliminar una deformidad. 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								
<table border="1"> <thead> <tr> <th data-bbox="271 703 601 754">ENTRADA</th> <th data-bbox="601 703 930 754">PROCESO</th> <th data-bbox="930 703 1262 754">SALIDA</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td data-bbox="271 754 601 1274">  <pre> graph LR A[Información Digitada] --> B[sg_m_origenes] B --> C[(sg_m_origen)] </pre> </td> <td data-bbox="601 754 930 1274"></td> <td data-bbox="930 754 1262 1274"></td> </tr> </tbody> </table>	ENTRADA	PROCESO	SALIDA	 <pre> graph LR A[Información Digitada] --> B[sg_m_origenes] B --> C[(sg_m_origen)] </pre>				
ENTRADA	PROCESO	SALIDA						
 <pre> graph LR A[Información Digitada] --> B[sg_m_origenes] B --> C[(sg_m_origen)] </pre>								
Observaciones:								

9.2.2. NARRATIVA DE ORÍGENES / PROCEDENCIA.

NARRATIVA DEL PROGRAMA	
Nombre de Programa: sg_m_origenes.frm	Secuencia: Página 1 de 1
El mantenimiento de códigos de orígenes tiene como objetivo ingresar nuevos códigos, modificar o eliminar códigos existentes. 2. Carga del formulario. 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. 2. Ingresar un origen. 1. Se agrega una nueva fila al spread orígenes. 2. Se graba en la tabla de sg_m_origen. 3. Modificación de un origen. 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. 4. Eliminar un origen 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.

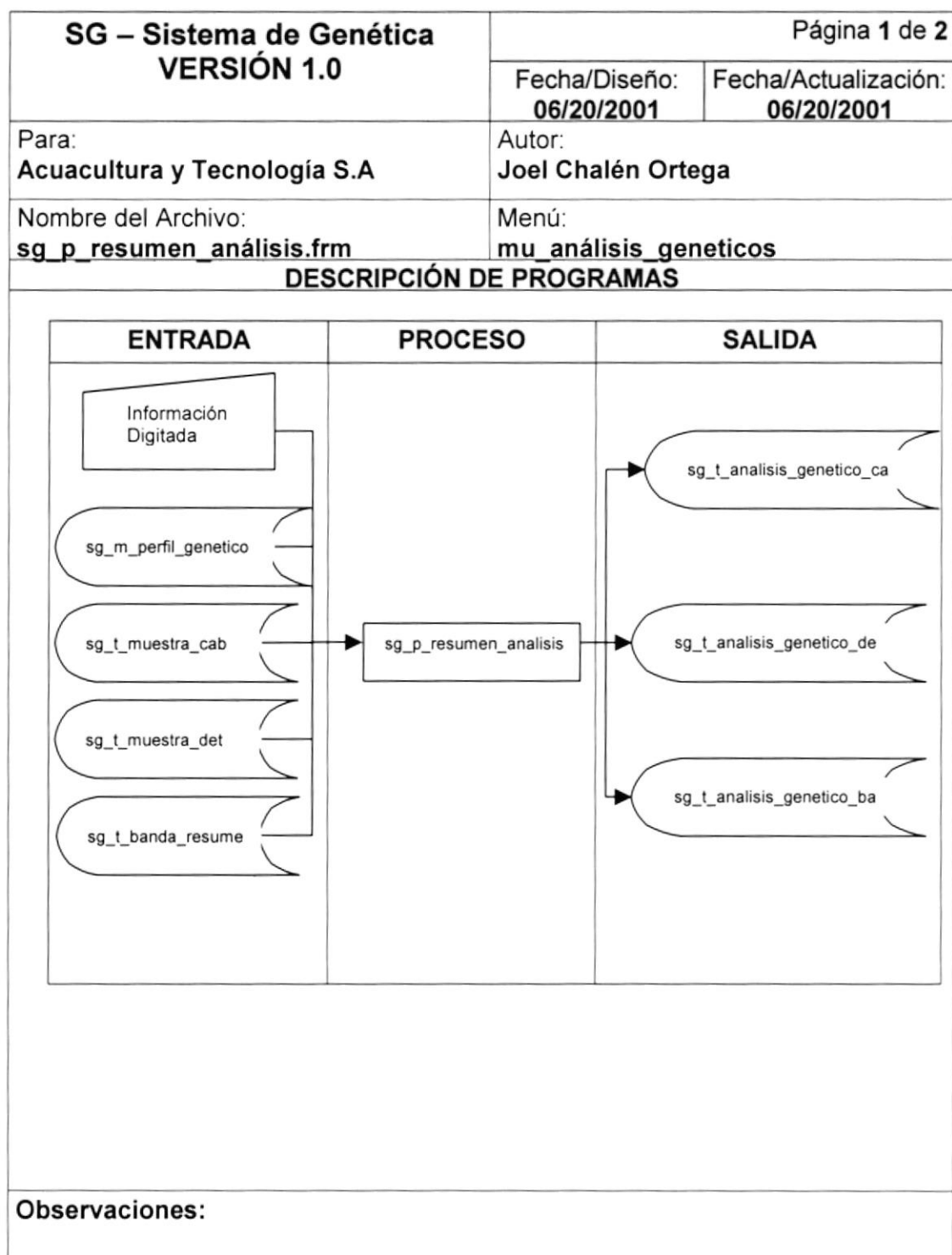
SG – Sistema de Genética VERSIÓN 1.0		Página 1 de 2	
		Fecha/Diseño: 06/20/2001	Fecha/Actualización: 06/20/2001
Para: Acuacultura y Tecnología S.A		Autor: Joel Chalén Ortega	
Nombre del Archivo: sg_m_perfil_base.frm		Menú: mu_análisis_geneticos	
DESCRIPCIÓN DE PROGRAMAS			
ENTRADA	PROCESO	SALIDA	
Información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

9.3.2. NARRATIVA DE PERFIL BASE.

NARRATIVA DEL PROGRAMA	
Nombre de Programa: sg_m_deformidad.frm	Secuencia: Página 1 de 2
Este programa nos permite ingresar las bandas bases de una familia y asociarla a un perfil. 1. Carga del formulario. 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Asigno la fecha de registro del perfil por default. 2. Ingreso de Perfil. 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.

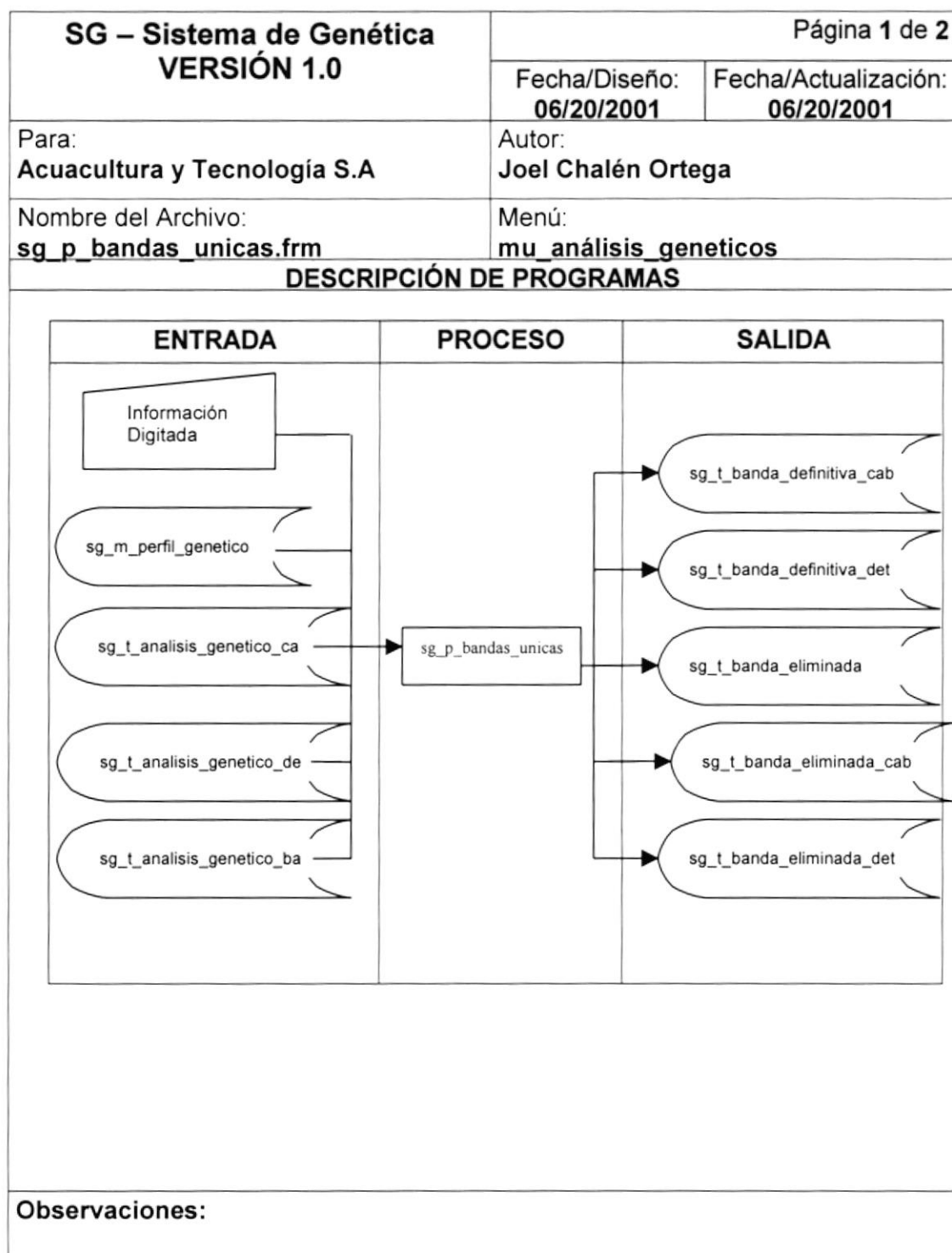


9.4.2. NARRATIVA DE RESUMEN DE BANDAS.

NARRATIVA DEL PROGRAMA	
Nombre de Programa: sg_p_resumen_análisis.frm	Secuencia: Página 1 de 2
Este programa nos permite ingresar las bandas bases de una familia y asociarla a un perfil. 3. Carga del formulario. 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Asigno la fecha de registro del perfil por default. 4. Ingreso de Perfil. 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.

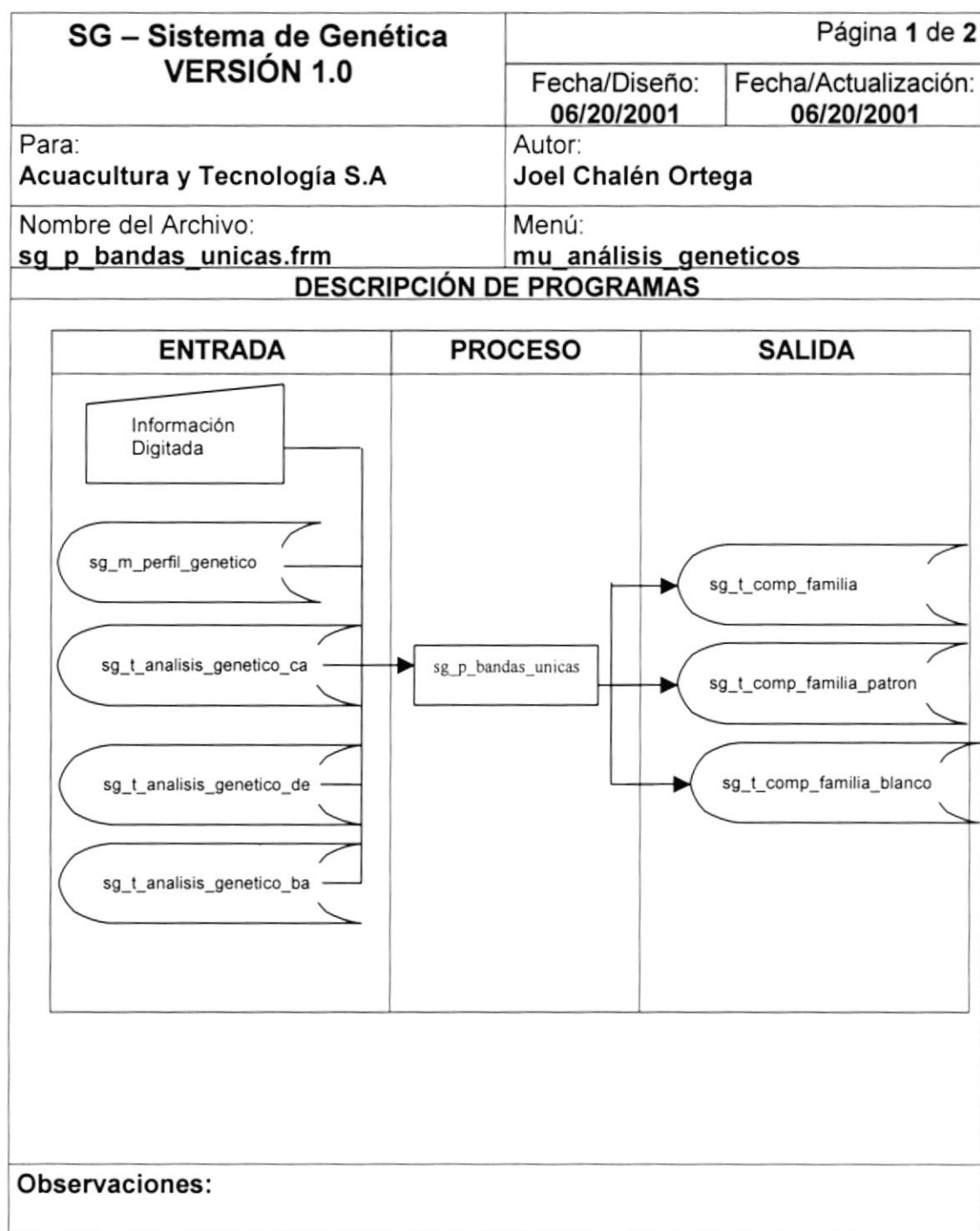


9.5.2. NARRATIVA DE BANDAS ÚNICAS / COMPLETAS.

NARRATIVA DEL PROGRAMA	
Nombre de Programa: sg_p_bandas_unicas.frm	Secuencia: Página 1 de 1
Este programa nos permite generar las bandas únicas o completas de un perfil existente en el sistema. 1. Carga del formulario. 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. 2. Comparación. 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.

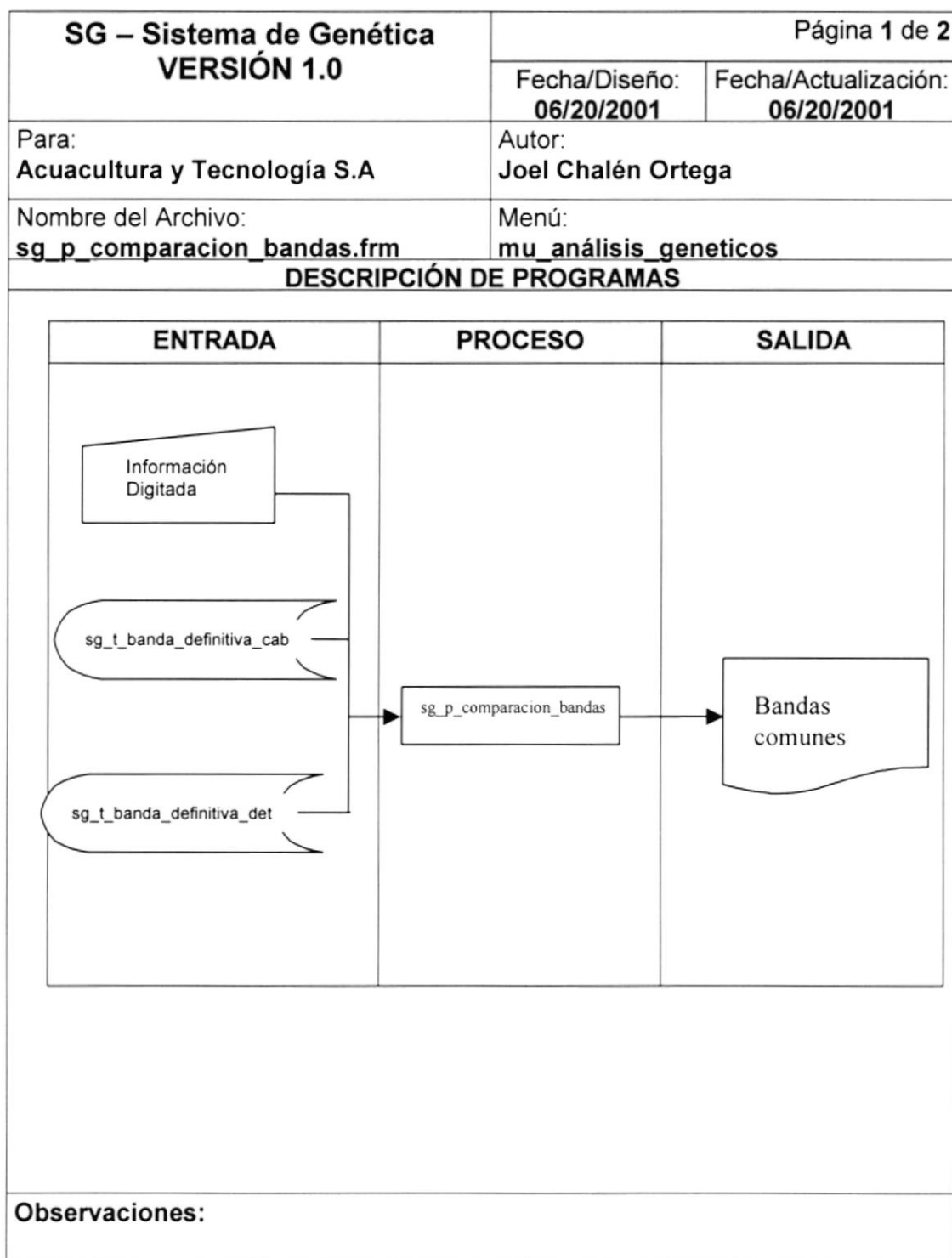


9.6.2. NARRATIVA DE BANDAS PATRÓN VS. BLANCOS.

NARRATIVA DEL PROGRAMA	
Nombre de Programa: sg_p_bandas_unicas.frm	Secuencia: Página 1 de 1
Este programa nos permite realizar una comparación entre una familia identificada com patron y otras como Blancos. 1. Carga del formulario. 1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso, 2. Comparación. 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. 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. 5. Grabando esta comparación en las tablas sg_t_comp_familia, sg_t_comp_familia_patron y sg_t_comp_familia_blanco.	
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**

Este programa nos permite realizar la identificación de las bandas que tiene en común con una específica.

1. Carga del formulario.

1. Limpio todos los campos de la pantalla para hacer el nuevo ingreso,

2. Comparación.

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: