



UNIVERSITAT
POLITÈCNICA
DE VALÈNCIA



Centro de Investigación en Métodos
de Producción de Software

Tesis de Máster

**Máster de Posgrado Oficial en Ingeniería del Software,
Métodos Formales y Sistemas de Información**

Especialidad: *Sistemas de Información*

**Ingeniería Web Dirigida por Modelos
en portales de genómica personal:
Análisis de 23andme con OOWS2.0**

Febrero 2012, Valencia

Autor: Ana Rosa Guzmán Carbonell
arguzman@pros.upv.es

Director: Oscar Pastor López
opastor@pros.upv.es

Co-director: Francisco Valverde
fvalverde@pros.upv.es

Índice General

1	Introducción	7
1.1	Motivación	7
1.2	Problemática y Contexto	8
1.3	Objetivos	9
1.4	Estado del arte	10
1.5	Estructura de la tesis	13
2	Antecedentes	14
2.1	23andme	14
2.2	El método OOWS 2.0.....	15
2.2.1	Modelo de Interacción Abstracta.....	17
2.2.2	Modelo de interfaz RIA.....	20
2.3	Sistemas de Gestión de Contenidos Web	22
2.3.1	Clasificación de los CMS	22
2.3.2	Estándar CMIS	23
3	Ejemplo ilustrativo: 23andme.com	26
3.1	Método de análisis	26
3.2	Diagrama de Usuarios	29
3.3	Mapa de Interacción del usuario Anónimo	30
3.3.1	Descripción general	30
3.3.2	Contextos de interacción	31
3.4	Mapa de Interacción del usuario demo	33
3.4.1	Descripción general	33
3.4.2	Contextos de interacción	35
3.4.3	Contextos de Interacción accesibles desde “Home”	36
3.4.4	Grupo “Account”	39
3.4.5	Grupo “Help”	41
3.4.6	Grupo “My Health”	42
3.4.7	Grupo “My Ancestry”	55
3.4.8	Grupo “Sharing & Community”	58
3.4.9	Grupo “23andWe”	66
3.5	Cuestiones sobre la expresividad del modelo.....	71
3.5.1	Mapas de Interacción.....	71

3.5.2	Unidades de interacción abstracta y patrones auxiliares	71
3.6	Conclusiones.....	74
3.6.1	Valoración general de OOWS 2.0.....	74
3.6.2	Características particulares de 23andme.com	76
4	Modelos basados en OOWS para portales basados en WCMS.....	79
4.1	Ejemplo ilustrativo: gembiosoft.com	81
4.2	Planteamiento de los modelos necesarios.....	83
4.2.1	Modelado de datos y lógica de negocio.....	83
4.2.2	Modelado de contenidos	85
4.2.3	Modelado de Interacción	87
4.2.4	Modelado de Presentación	88
4.2.5	Modelado de Seguridad	98
4.3	Conclusiones.....	99
5	Conclusiones, Publicaciones y Trabajo Futuro	101
5.1	Publicaciones y Trabajo de Investigación realizado	102
5.2	Trabajo Futuro.....	103
6	Bibliografía	104
Anexo A.	Metamodelo RIA de OOWS 2.0.....	108
Anexo B.	Detalle del mapa de interacción del usuario Anónimo.....	111
6.1.1	Contextos del menú principal y relacionados con “Home”	111
6.1.2	Contextos del menú inferior	115
6.1.3	Caso “Preganancy” y “Parkinson”	117
6.1.4	Subsistema “Ancestry”	121
6.1.5	Grupo “Health”	123
6.1.6	Subsistema “How it works”	126
6.1.7	Subsistema “About”	130

Índice de Figuras

Ilustración 1. Visión general OOWS 2.0	16
Ilustración 2. Funcionamiento CMIS (Caruana, 2010).....	24
Ilustración 3. CMIS - Definición de tipos (Caruana, 2010).....	25
Ilustración 4. Tareas de análisis y resultados	27
Ilustración 5. Mapa de usuarios	29
Ilustración 6. Contextos principales del usuario anónimo.....	31
Ilustración 7. Contextos del usuario anónimo en menú superior.....	32
Ilustración 8. Contextos de 1er nivel del usuario anónimo en menú inferior	32
Ilustración 9. Contextos de interacción del usuario demo	35
Ilustración 10. Grupo "Account"	39
Ilustración 11. Grupo "Help" en demo.....	41
Ilustración 12. Grupo "My Health"	43
Ilustración 13. Relación "My Health" y "Sharing & Community"	43
Ilustración 14. Grupo "My Ancestry"	55
Ilustración 15. Grupo "Sharing & Community"	58
Ilustración 16. Grupo "23andWe"	66
Ilustración 17. Interfaz Gráfico de Usuario de Diagen	81
Ilustración 18. Arquitectura del portal gembiosoft.com.....	82
Ilustración 19. Diseño inicial de método WCMS-OOWS independiente de plataforma... 83	
Ilustración 20. Ejemplo Modelo de interfaz de servicios de Integración.....	85
Ilustración 21. Ejemplo Modelo de Repositorio de Contenidos	86
Ilustración 22. Ejemplo Diagrama de Usuarios	87
Ilustración 23. Ejemplo de Mapa de Interacción	88
Ilustración 24. Relación entre plantillas, contenedores, contenidos y páginas.....	90
Ilustración 25. Ejemplo de Mapa de Plantillas para Contextos.....	90
Ilustración 26. Modelo de plantillas y contenedores "TEMPGemHome"	92
Ilustración 27. Modelo de plantillas y contenedores "TEMPGem1Columns"	92
Ilustración 28. Ejemplo de aplicación de plantilla "TEMPGem1Colums".....	93
Ilustración 29. Página "Our Company" con plantilla "TEMPGem1Columns"	93
Ilustración 30. Modelo de plantillas y contenedores "TEMPGemDiagen"	94
Ilustración 31. Ejemplo de modelos de contenidos por contexto	95
Ilustración 32. Ejemplo Componente Visor "DiagenView"	97
Ilustración 33. Ejemplo de Mapa de Contribuidores	98
Ilustración 34. Contexto "Home" con plantilla TEMPGemHome.....	100
Ilustración 35. Vista widget del metamodelo RIA y su especificación en FLEX.....	108
Ilustración 36. Vista evento del metamodelo RIA.....	109
Ilustración 37. Weaving metamodel para OOWS 2.0	109
Ilustración 38. Navegaciones Contexto Secuencia "Parkinson Community".....	117
Ilustración 39. Navegaciones Contexto Secuencia "Pregnancy Community"	119
Ilustración 40. Subsistema "Ancestry"	121
Ilustración 41. Subsistema "Health"	124
Ilustración 42. Subsistema "How it works"	127
Ilustración 43. Subsistema "About"	131

Introducción

1.1 Motivación

Desde hace unos años se vienen creando métodos de desarrollo software dirigido por modelos (Schmidt, 2006). Los artefactos creados durante la fase de análisis de estos métodos, son modelos que se convierten en el código fuente para una plataforma determinada, mediante un compilador de modelos. Este mecanismo simplifica el proceso de desarrollo al separar el dominio del problema del dominio de la solución, elevando así el nivel de abstracción. Los desarrolladores de los modelos se centran en los aspectos relevantes del dominio del problema, dejando al compilador de modelos toda la problemática de los detalles de bajo nivel asociados a la plataforma tecnológica. Así, los aspectos relacionados con la tecnología o con la implementación quedan encapsulados y ocultos para los desarrolladores, que pueden centrarse totalmente en el dominio del problema.

Es ampliamente reconocido que las tareas más críticas del proceso de desarrollo software son el análisis y la especificación de requisitos; los errores cometidos durante estas tareas, en relación a los cometidos en otras, son los que más impactan en la validez y calidad del producto, y su reparación tiene el coste más elevado (Adrion, et al., 1982). Es por esto que dedicar el esfuerzo del desarrollo a la corrección y completitud de las tareas de análisis y especificación, automatizando el resto, supone un claro avance en los mecanismos de obtención de productos software (Pastor, et al., 2007). En consecuencia, los métodos de desarrollo dirigidos por modelos aportan ventajas evidentes: dedicación mayoritaria del tiempo de desarrollo al análisis y especificación del problema, aumento de la reusabilidad, simplificación del mantenimiento, y, por consiguiente, la reducción de esfuerzos y costes globales en los proyectos de desarrollo, junto con resultados de mayor calidad.

Los campos de aplicación del desarrollo software dirigido por modelos han sido, principalmente, los sistemas empotrados y las aplicaciones de uso intensivo de datos. Posteriormente han surgido nuevos métodos para trasladar las ventajas de esta aproximación al desarrollo de aplicaciones web con uso intensivo de datos, como ha sido el caso de WebML (Ceri, et al., 2000), UWE(Koch, 2000), OOH (Meliá, et al., 2004), OOHDM (Schwabe, et al., 1996) y OOWS (Fons, et al., 2003). Todos ellos son métodos de Ingeniería Web dirigida por

modelos que incorporan modelos específicos para captar las características particulares del entorno web, como por ejemplo los aspectos de navegación.

Un caso paradigmático de las aplicaciones de uso intensivo de datos son las aplicaciones bioinformáticas en el dominio de la genómica personalizada. El avance en la investigación del genoma humano ha proporcionado nuevos sistemas de información para el diagnóstico de enfermedades, la detección de peculiaridades físicas y la construcción de árboles genealógicos a partir de la información conocida sobre el ADN. Algunas compañías han llevado estos sistemas a negocios online, como es el caso de deCODE¹, 23andme², Navigenics³ y Pathway⁴. Las webs que sustentan estos negocios son aplicaciones complejas por la gran cantidad de datos que subyace a la información genómica, y porque deben estar en continua evolución debido a los continuos avances y descubrimientos en el dominio científico. Por lo tanto, estas webs son perfectas candidatas para aprovechar las ventajas de los métodos de desarrollo web dirigidos por modelos. Pero ¿son adecuados estos métodos para desarrollar este tipo de webs? ¿Hay otra alternativa para elevar la calidad y productividad de estos desarrollos?.

1.2 Problemática y Contexto

La Ingeniería Web, según (Murugesan, S.; Deshpande, Y.; Hansen, S.; Ginige, A., 2001), se desarrolló en 1998 como una nueva disciplina. Estos autores definen la Ingeniería Web como la aplicación de aproximaciones sistemáticas, disciplinadas y cuantificables para el desarrollo eficiente y la evolución de soluciones Web de alta calidad. Sin embargo, dentro de esta disciplina es reconocida la enorme distancia entre los modelos de diseño y la implementación final, lo que se traduce en que el desarrollo software dirigido por modelos no ha penetrado en los proyectos de desarrollo web.

Los métodos de desarrollo web dirigidos por modelos se han usado para crear nuevas aplicaciones web y, principalmente, en ambientes académicos. Desde esta perspectiva, la aplicación web resultante ofrece lo que el método es capaz de generar y su validez queda circunscrita a las premisas que establece el propio método. Sin embargo, la verdadera validez de un método de desarrollo web dirigido por modelos se debe demostrar probando que su aplicación en casos reales produce los mismos resultados, pero con una mejora significativa en el proceso de desarrollo y en la calidad del producto obtenido. La carencia de trabajos de validación de los métodos de desarrollo web dirigido por modelos en estos términos es la que inspira esta tesis de máster.

Por otra parte, los portales web sobre genómica personalizada manejan gran cantidad de información genética, pero también gran cantidad de contenidos web no estructurados como, por ejemplo, contenidos multimedia y, sobre todo, textos descriptivos y explicativos sobre genética. Estos contenidos no estructurados requieren, para su creación y actualización, la intervención de usuarios no técnicos expertos en el dominio, ámbito en el que los Sistemas de

¹ www.decode.com

² www.23andme.com

³ www.navigenics.com

⁴ www.pathway.com

Gestión de Contenidos Web (con las siglas en inglés WCMS) han demostrado ser de gran utilidad. Es también relevante el hecho de que el uso de los WCMS está ampliamente extendido, al contrario de lo que sucede con los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos.

Por un lado, parece evidente que los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos no deberían dedicarse a modelar funcionalidades de un WCMS cada vez que se enfrentan al desarrollo de una web que necesitan de dichas funcionalidades. Por otro parte, los WCMS no son los más apropiados para manejar la enorme información que existe alrededor de las cadenas de ADN y sus consecuencias biológicas. También es un hecho que en el campo del desarrollo de portales web basados en WCMS no se utilizan métodos de desarrollo dirigido por modelos, lo que permitiría poner el énfasis en las tareas de análisis y especificación. Es más, el uso de un WCMS hace que el desarrollo de un portal web se centre en las características específicas del WCMS a utilizar, es decir, en los elementos de los que consta y los mecanismos que implementa, donde hay una gran variabilidad entre plataformas de WCMS. Todo esto hace que el desarrollo de un portal web sobre un WCMS esté centrado en el dominio de la solución, a un bajo nivel de abstracción, que hace muy difícil la reusabilidad de un trabajo en diferentes plataformas WCMS.

Por todo lo comentado, parece que lo más adecuado es que los portales web de genómica personalizada aprovechen las ventajas ofrecidas tanto por los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos como por los WCMS; los primeros, para gestionar los datos masivos relativos a las secuencias del ADN y, los segundos, para que expertos del dominio gestionen los contenidos no estructurados sobre información biológica sin necesidad de conocimientos técnicos en desarrollo web. Para conseguir este objetivo hay que obtener un método cuyos modelos sean capaces de, por una parte, representar las características de los aspectos de uso intensivo de datos en un portal de genómica personalizada y, por otra parte, dotar a los WCMS de modelos que permitan la definición del portal a un nivel mayor de abstracción.

El trabajo objeto de esta tesis de máster ha sido realizado en el Centro de Investigación en Métodos de Producción de Software (PROS) de la Universidad Politécnica de Valencia, donde se está trabajando en la creación de un portal de genómica personalizada en colaboración con la empresa GEM BioSoft.

1.3 Objetivos

La pregunta genérica de investigación que motiva este trabajo sería:

¿Cuál es el soporte que ofrecen los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos a los nuevos portales de genómica personalizada?

La respuesta completa a esta pregunta no es trivial ni viable, dada la gran variedad de métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos. Por ello se ha restringido el estudio al método *OOWS 2.0* (Valverde Giromé, 2010), desarrollado íntegramente en el centro de investigación PROS.

Considerando la aplicación de la pregunta genérica de investigación al caso de *OOWS 2.0*, ésta puede subdividirse en varias sub-preguntas:

1. ¿cuáles son las características particulares que definen un portal de genómica personalizada?
2. ¿cuáles son las carencias de *OOWS 2.0* para modelar un portal de genómica personalizada?
3. ¿cuáles son las mejoras necesarias en los modelos conceptuales de *OOWS 2.0* para desarrollar un portal de genómica personalizada?
4. ¿cómo combinar las ventajas aportadas por la Ingeniería Web dirigida por modelos y por la funcionalidad aportada por un Sistema de Gestión de Contenidos Web (WCMS), para crear portales de genómica personalizada de forma eficiente y sencilla?

Para poder responder a las dos primeras sub-preguntas de investigación se han analizado dos de los más importantes portales de genómica personalizada: *23andme* y *deCODE*.

Dadas las dimensiones del trabajo planteado, éste se ha dividido en dos tesis de máster complementarias. En la presente tesis de máster se analiza el caso de *23andme* y se responde a la cuarta sub-pregunta; el trabajo realizado por (López, 2012) analiza el caso de *deCODE* y responde a tercera sub-pregunta.

En consecuencia, los objetivos específicos de esta tesis de máster son:

1. Especificar el portal *23andme.com* utilizando los modelos conceptuales de *OOWS 2.0*
Para ello se describe el portal con la expresividad que ofrece el modelo de Interacción Abstracta de *OOWS 2.0*.
2. Identificar los problemas de expresividad a nivel de modelado conceptual encontrados en el análisis anterior
Se ilustrarán los problemas encontrados en el análisis anterior, lo que fundamentará parte de las extensiones propuestas al modelo de Interacción Abstracta de *OOWS 2.0*, que se presentan como respuesta a la tercera sub-pregunta de investigación.
3. Proponer una adaptación de *OOWS 2.0* para soportar el desarrollo de un portal web mediante el uso de un WCMS.

El objetivo es proponer el diseño inicial de un conjunto de modelos basados en *OOWS 2.0* que apoyen el desarrollo de un portal web con un WCMS.

1.4 Estado del arte

El método de Ingeniería Web *OOWS* (Fons, et al., 2003) se desarrolló en PROS a partir de uno de los más exitosos métodos de desarrollo dirigido por modelos, *OO-Method* (Pastor, et al., 2007), el cual es el fundamento de la herramienta comercial *Integranova M.E.S* (*Integranova*

*Software Solutions*⁵), utilizada exitosamente desde hace más de 10 años para crear aplicaciones software en diferentes industrias. En 2010 se publicó una tesis doctoral (Valverde Giromé, 2010) con la evolución del método OOWS para adaptarlo a las nuevas aplicaciones web 2.0 y a las tecnologías RIA (*Rich Internet Applications*), evolución que fue denominada OOWS 2.0.

En relación al estudio de la aplicabilidad de los métodos de Ingeniería Web dirigida por modelos hay muy pocos trabajos publicados. En particular, en relación al método OOWS no existe ningún trabajo similar previo que utilice casos de estudio industriales y no académicos.

Existen trabajos sobre reingeniería de aplicaciones web para la aplicación de métodos de desarrollo dirigido por modelos. El objetivo de estos trabajos es capturar la funcionalidad de la web analizada para incluirla en los requisitos funcionales de la aplicación a generar (Martin, et al., 2005). Sin embargo, este enfoque no trata de validar métodos de desarrollo dirigido por modelos, sino realizar la actividad propia de una reingeniería, esto es, comprender el proceso existente y plasmarlo en un modelo para diseñar un nuevo proceso que mejore lo existente (Jacobson, et al., 1994). Por consiguiente, de la reingeniería de una aplicación surge una nueva aplicación, mejor pero distinta.

Los autores del trabajo (Garzotto, et al., 2007) realizaron un amplio estudio empírico para identificar los factores que inciden en la falta de adopción de métodos de Ingeniería Web. Entre los factores identificados se encontraban la falta de conocimiento sobre la existencia de estos métodos, la falta de consideración de requisitos no funcionales de estos métodos y la ausencia de herramientas que los soporten. Sin embargo, no obtienen respuestas de cómo deberían ser los métodos de Ingeniería Web para poder penetrar en el mundo industrial real, donde los requisitos, tamaño y complejidad de los portales Web son muy diferentes a los de aquéllos que se usan en los entornos académicos.

Otra aproximación ha sido la de (Luinenburg, et al., 2008). En este trabajo se desarrolla un nuevo método para asociar funcionalidades de un WCMS a elementos de un método de Ingeniería Web, lo que utilizan para validar este último. El trabajo extrae los factores del dominio de los WCMS y analiza los métodos WebML, OOWS, UWE y OO-H para ver cuáles de sus elementos soportan cada factor WCMS. Realizan un trabajo meramente teórico, sin ninguna validación experimental o contrastada con portales web reales.

En (Mooney, et al., 2008) se describe la utilidad de los gestores de contenidos en el mundo de la Bioinformática y cómo está creciendo su uso en este dominio. Este trabajo no hace referencia a métodos de desarrollo dirigidos por modelos y trata los gestores de contenidos en general (CMS) y no los WCMS en particular, lo cuales incorporan el tratamiento específico de la presentación en un sitio web.

En relación a la aplicabilidad de los métodos de desarrollo dirigido por modelos a los gestores de contenidos, se puede encontrar en (Richmond, et al., 2004) una referencia al uso de dichos métodos para crear una aplicación web a partir de un gestor de contenidos. Se basaron en el modelo de datos de *IBM DB2 Content Management* y en la creación de la aplicación web a

⁵www.integranova.es

partir del repositorio de contenidos mediante *WebSphere Studio Application Development* (WSAD). En este caso, no se trabajaba con una verdadera plataforma de WCMS, sino que utilizaban un entorno de desarrollo de aplicaciones web (WSAD), basado en Eclipse, para proporcionar la capa de presentación web de un repositorio de contenidos.

El trabajo realizado por (Souer, et al., 2009) propone una herramienta para la configuración automática de un WCMS. Esta herramienta parte de la definición de un flujo de introducción de datos, modelado mediante el diagrama WebForm, que luego se transforma automáticamente en un XML importable en el WCMS "*GX WebManager*". Validaron su trabajo con ejemplos de una web de un proveedor de telecomunicaciones y entrevistando a expertos sobre su utilidad. Este trabajo se centraba en la interacción del usuario con el sistema mediante entrada/salida de datos definida por formularios, lo que es más propio de una aplicación de gestión que de un portal web, cuyo principal objetivo es exponer información, estructurada o no, al usuario.

En (de Sousa Saraiva, et al., 2009) se presenta un trabajo que introdujo dos modelos, de diferente nivel de abstracción, creados para modelar un WCMS. Los autores razonan que esta separación sirve para gestionar dos importantes, y a veces contradictorias, características del modelado: *simplicidad*, propósito del modelo llamado CMS-ML, y *expresividad*, propósito del modelo llamado CMS-IL, que también es la fuente para la generación de código. Este trabajo plantea un modelo para simplificar la tarea de implementar una web en una plataforma WCMS. Es una buena aproximación que contempla aspectos de presentación, multilinguaje y política de acceso (usuarios, roles y permisos). Sin embargo no contempla la creación de los tipos de contenidos del repositorio ni expresa la interacción del usuario con el sistema.

Ante el esfuerzo de unificar criterios en las distintas plataformas CMS, recientemente el consorcio OASIS ha publicado el estándar CMIS para la interoperabilidad de servicios de gestores de contenidos (OASIS, 2011). Este estándar define un modelo de dominio para un repositorio genérico de contenidos partiendo de cuatro tipos básicos y extensibles: documento, carpeta, relación y política. El estándar no cubre todos los aspectos de un gestor de contenidos para la web (WCMS), como son los elementos de presentación, pero sí la parte más importante y común de todos los gestores de contenidos, es decir, el repositorio. A pesar de su novedad, el soporte de este estándar ha sido y está siendo incorporado por la mayoría de los fabricantes de CMS.

Los trabajos comentados ponen de manifiesto que, aunque existen soluciones parciales que abordan separadamente los aspectos introducidos en la motivación de este trabajo de tesis de máster, no existe una solución completa, integradora, convincente y con una sólida base experimental. No existen trabajos concluyentes que evalúen la corrección y la eficiencia de los métodos de desarrollo de Aplicaciones Web dirigidos por modelos para la creación de portales web industriales complejos. Tampoco existen trabajos concluyentes que aborden la integración de estrategias de desarrollo dirigidas por modelos y ambientes WCMS. Todo ello justifica la necesidad, originalidad y relevancia del trabajo presentado, cuya estructura se presenta a continuación.

1.5 Estructura de la tesis

La tesis cuenta con este capítulo de *introducción* y los resultados obtenidos se presentan estructurados en los siguientes capítulos:

- **Cap 2. Antecedentes**

En este capítulo se hace una presentación de la compañía *23andme*, que constituye el ejemplo ilustrativo del trabajo de análisis, de OOWS 2.0 y su modelo de interacción abstracta, de los WCMS y del estándar CMIS, todos los cuales forman los antecedentes funcionales y tecnológicos de la solución propuesta.

- **Cap 3. Ejemplo ilustrativo: 23andme.com**

Este capítulo caracteriza el portal genómico *23andme.com* mediante el resultado del análisis realizado, y expone los problemas de expresividad encontrados en los modelos OOWS 2.0. Para ello, se incluye un primer apartado describiendo el método de análisis. Posteriormente se describe el diagrama de usuarios y los mapas de interacción de cada tipo de usuario. A continuación se exponen los problemas encontrados sobre la expresividad del modelo y por último las conclusiones obtenidas con el trabajo realizado.

- **Cap 4. Modelos basados en OOWS para portales basados en WCMS**

Se introduce en este capítulo el diseño inicial de una serie de modelos para llevar las ventajas de los WCMS y del desarrollo dirigido por modelos.

- **Cap 5. Conclusiones, Publicaciones y Trabajo Futuro**

La tesis de máster se cierra con el capítulo donde se resumen las conclusiones obtenidas en este documento, el trabajo de investigación realizado y el trabajo futuro a abordar.

Los últimos capítulos son los *anexos* y *bibliografía* referenciados a lo largo del documento.

Antecedentes

El trabajo de esta tesis de máster se centra en el análisis de la descripción de *23andme*, utilizando los modelos OOWS 2.0, y cómo podrían sumarse las ventajas de dicho método con las ventajas que aporta un gestor de contenidos web. Por ello, este capítulo se estructura en tres apartados: 1) introduce quiénes son *23andme.com* y qué ofrecen, 2) describe el método OOWS 2.0 y en particular su modelo de interacción, el cual es utilizado para la descripción de *23andme.com*, y 3) introduce el concepto de sistemas de gestión de contenidos (CMS) mediante su clasificación, en especial con referencia a los sistemas de gestión de contenidos web (WCMS) y el estándar CMIS, quien unifica el uso de los repositorios CMS mediante un modelo de dominio, el cual es la primera visión unificada sobre los conceptos de un repositorio de contenidos y aceptada por la mayoría de fabricantes de CMS.

2.1 23andme

23andme (*23andme.com*) es una compañía de Mountain View, California, fundada en 2006 con la ayuda económica de Google, New Enterprise Associates y Genentech. Es líder en el sector de portales web de genómica personalizada, proporcionando a sus clientes la información derivada del análisis de su ADN en relación a riesgo de enfermedades, características físicas, respuesta ante medicamentos e información sobre antepasados y familiares, con un ambiente de comunidad web que ha estado creciendo en popularidad desde su inauguración. Según su propia web, la misión de *23andme* es ser el referente mundial sobre información genética personal fiable.

En la mitad de los estados norteamericanos no se puede realizar un análisis genético sin la prescripción de un médico, hecho que provocó varios problemas a *23andme* al estar dirigido directamente a los usuarios finales. Su defensa ha sido que su propósito no es el de diagnosticar, prevenir o tratar ninguna condición o enfermedad, ni determinar el estado de salud de las personas, sino que están orientados a la investigación, educación e información, tal y como se puede leer en una de las cláusulas de sus términos de servicio. En 2008 recibió el premio de la revista TIME a la mejor invención.

23andme analiza 966.983 SNPs del genoma de las personas (cromosomas del 1 al 22, Y, X y mitocondrial) mediante la tecnología *Beadchip v3* de *Illumina*. Proporcionan información tanto sobre los orígenes de las personas –mediante los haplogrupos de las líneas materna y paterna, como sobre las expresiones fenotípicas de los genes –de acuerdo con estudios científicos que los relacionan con riesgo de enfermedades, con ser portador de enfermedades, con respuestas ante ciertos medicamentos o con características físicas. También realiza investigación mediante encuestas a sus usuarios.

A fecha de febrero de 2012, cobra 99\$ por realizar el análisis genético mediante el envío, registro y recepción de un kit de análisis de saliva. También cobra 9\$ por subscripciones mensuales para mantener al usuario actualizado de los avances en las interpretaciones genéticas, de nuevos posibles parientes o para conservar su muestra de ADN y poder inspeccionar la secuenciación obtenida. Con el análisis genético obliga al pago de una subscripción anual, por lo que el precio total del producto es de 207\$ (99+12x9). Los precios de 23andme han sufrido un descenso acelerado desde que comenzó: 999\$ en 2006, \$399 en 2008 y 207\$ en 2011, siendo actualmente el más barato del sector.

En mayo de 2011 se anunció que el número de ADNs analizados superaba los 100.000, lo que supone el mayor banco de datos de ADN para una empresa Bioinformática en web.

Una completa descripción de las características de un portal de genómica personalizada, se puede encontrar el correspondiente apartado de la tesis de máster (López, 2012).

2.2 El método OOWS 2.0

El método OOWS, *Object-Oriented Web Solutions*, fue definido en el Centro de Investigación en Métodos de Producción de Software (ProS) de la Universidad Politécnica de Valencia. Es una extensión para aplicaciones web de OO-Method (Pastor Lopez, et al., 1997). OO-Method utiliza tres modelos conceptuales orientados a objetos para especificar una aplicación:

- *Modelo de objetos*, donde se definen las clases, con sus atributos, restricciones y relaciones.
- *Modelo dinámico*, donde se definen los estados, acciones y transiciones.
- *Modelo funcional*, donde se especifica el comportamiento mediante composición de transacciones atómicas.

OOWS (Fons, et al., 2003) añade por su parte los siguientes modelos:

- *Modelo de usuarios*, que describe la taxonomía de usuarios de la aplicación,
- *Modelo de navegación*, que describe el mapa de contextos de navegación accesibles por cada tipo de usuario,
- *Modelo de presentación*, especificación del conjunto de patrones que definen cada contexto.

Recientemente, se ha definido OOWS 2.0 (Valverde Giromé, 2010) para dar respuesta a las peculiaridades que han surgido con la Web 2.0, extendiendo OOWS fundamentalmente a nivel conceptual, incorporando nuevos modelos para definir la interacción entre el usuario y el sistema y para definir interfaces de usuario basadas en tecnologías RIA (Rich-Internet Applications).

La Ilustración 1 ofrece una visión general de OOWS 2.0 y la Tabla 1 describe las fases y modelos de este nuevo método.

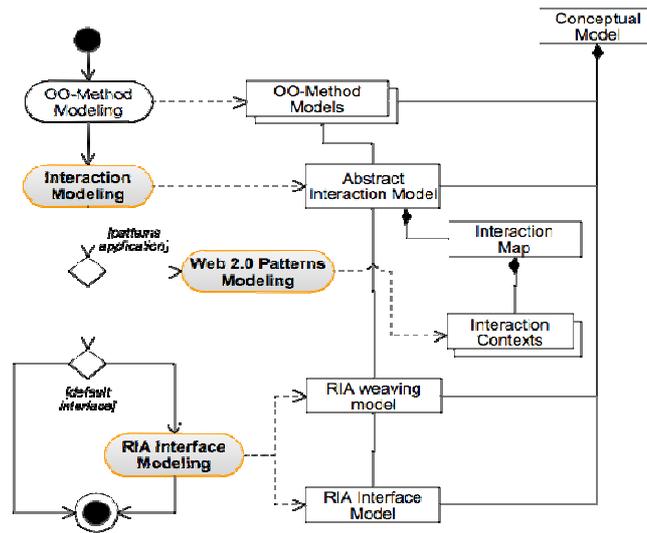


Ilustración 1. Visión general OOWS 2.0

Fase de Modelado de la aplicación Web	Actividad OOWS 2.0	Descripción
Requisitos	<i>Análisis de requisitos de usuario</i>	Obtener los requisitos de usuario para el portal usando técnicas clásicas de Ingeniería de Requisitos.
Funcionalidad y datos	<i>Modelado de objetos</i>	Describir las entidades y servicios de datos del Sistema de Información, usando modelos OO-Method. Se obtiene el <i>Modelo de Objetos</i> .
Interacción	<i>Modelado de usuarios</i>	Obtener los tipos de usuarios del portal y sus relaciones de jerarquía, representado en el <i>Diagrama de Usuarios</i> . Crear el <i>Mapa de Interacción</i> con los <i>Contextos de Interacción</i> (CI) accesibles para cada tipo de usuario.
	<i>Modelado de interacción abstracta</i>	Identificar el conjunto de <i>Unidades Abstractas de Interacción</i> (UAI) que componen cada CI, tanto las de población como las de servicio, así como los <i>Patrones de Interacción Auxiliares</i> a aplicar.
Presentación	<i>Modelado de interfaz</i>	Identificar el conjunto de <i>componentes RIA</i> que representan cada CI y cada UAI.

Tabla 1. Fases y modelos principales de OOWS 2.0

2.2.1 Modelo de Interacción Abstracta

El Modelo de Interacción Abstracta ha sido el objeto del análisis que ha dado lugar al presente documento. Está compuesto por distintos elementos que se introducen a continuación.

La taxonomía de usuarios se describe mediante el *Diagrama de Usuarios*, el cual establece las posibles relaciones de herencia entre los diferentes tipos de usuarios de la aplicación. Define tres categorías de tipos de usuarios: 1) *anónimo*, usuario tipo que navega por la aplicación sin haberse registrado en ella, 2) *registrado*, para describir tipos de usuarios que se han registrado y autenticado en la aplicación, y 3) *estructural*, que representa un tipo auxiliar para definir tareas comunes entre distintos tipos de usuarios.

El *Mapa de Interacción* define a qué contextos de interacción (CI) tiene acceso un tipo de usuario y cuáles son los caminos de navegación de los que dispone para acceder desde unos CI a otros. Se define un *Contexto de Interacción* (CI) como la abstracción de una tarea (p.e. mostrar, crear, modificar, borrar cierto tipo información). Los CI dentro de un mapa de interacción pueden ser de cuatro tipos: 1) *subsistema* (subsystem), que representa el acceso siempre disponible a un conjunto de CI; 2) *inicial* (home), contexto por donde el usuario accede inicialmente a la interacción con el sistema o con un subsistema; 3) *primer nivel* (firstLevel), CI siempre accesible dentro de un conjunto (toda la aplicación o un subsistema); y 4) *secuencia* (sequence), CI sólo accesible desde otro CI mediante la relación de navegación que le une con él.

Por otra parte, un CI se compone de primitivas conceptuales, las *Unidades de Interacción Abstracta* (UIA), que describen las interacciones atómicas como vistas sobre el estado de los objetos del Sistema de Información. Un CI se compone de una o varias UIA de dos posibles tipos: 1) de recuperación de información o *población* (UIAP) y 2) de ejecución de funcionalidad o *servicio* (UIAS).

Una *UIAP* muestra la información contenida en una vista del modelo de objetos, es decir, en un subconjunto de clases, atributos y relaciones de dicho modelo. Hay dos estereotipos que proporcionan semántica a las clases de la vista de una UIAP: *manager*, que cualifica la clase directora o principal de la cual se recuperan todas sus instancias, y *complementary*, que cualifica al resto de las clases de la vista y de las cuales se recuperan sólo aquellos objetos relacionados directa o indirectamente con las instancias de la clase directora. Los tipos de los atributos determinan la presentación de la información, estando definidos los siguientes tipos:

- Básicos: *String, Integer, Natural, Decimal*
- Complejos: *Date, Time, Currency*
- Web: *Link, Image, Video, HTML, Object*

Una *UIAS* se relaciona con una operación asociada a una clase. Cada argumento de entrada tiene un identificador único, pertenece a uno de los tipos de datos indicados anteriormente o bien a un valor de una lista definida y, además, tiene asociado un alias

con el texto a mostrar en la interacción y un indicador para saber si el valor puede ser modificado o no (constante). Cada argumento de salida tiene las mismas características, pero en lugar de indicar si es constante o no, se indica si es visible o no. Por último, se pueden indicar los errores que pueden producirse de acuerdo a condiciones sobre los valores de los argumentos de salida, junto con el mensaje a mostrar.

Las UIA cuentan con un conjunto de *Patrones Auxiliares de Interacción* (PAI) que extienden su expresividad, recogiendo los aspectos conceptuales de las soluciones para las interacciones más habituales (ordenación, paginación, filtros de datos, etc.), permitiendo su reutilización en distintas UIA. Los PAI en OOWS 2.0 son los siguientes:

PAI aplicadas a los argumentos de una UIAS:

- **Selección enumerada:** permite acotar el conjunto de valores que el usuario puede seleccionar para introducir un valor en un argumento de entrada. Cada entrada de la lista de selección es una dupla con el valor que recibirá el sistema (dato), cuyo tipo debe ser compatible con el del argumento, y el texto asociado que se muestra al usuario (alias). La lista puede componerse de valores constantes (lista estática) o de valores recuperados del SI (lista dinámica). Como ejemplo del primer caso tendríamos la lista “estado civil”, con los valores {soltero, casado, viudo}, y en el segundo caso la lista con las provincias españolas, las cuales se recuperan de la base de datos.
- **Regla de validación:** permite asociar a un argumento de entrada una expresión regular o una operación booleana del modelo de objetos, que debe satisfacer cualquier valor introducido por el usuario. El patrón también permite especificar el mensaje que informa al usuario del tipo de valor a introducir y, opcionalmente, el mensaje de error a mostrar en caso de que el valor introducido no satisfaga el criterio asociado.
- **Inicialización de argumento:** establece automáticamente un valor específico para un argumento siempre que se cumpla una condición, ahorrando así al usuario tareas repetitivas o deterministas. El valor puede ser definido mediante una regla aritmético-lógica de forma estática o una regla dinámica, caso este último en que se hará referencia al resto de atributos de la instancia sobre la que se ejecuta el servicio.

PAI aplicadas a las clases de una UIAP:

- **Filtro:** define una expresión lógica sobre los atributos presentes en la vista de una UIAP. El filtro puede ser dinámico o estático, en caso de que el usuario deba introducir un valor o no. Este patrón puede acompañarse de una descripción que indique al usuario su propósito. El usuario activará voluntariamente el filtro cuando desee restringir el número de objetos a visualizar, mostrándose sólo aquellos objetos de la vista de la UIAP que satisfagan el criterio de filtrado. Los operadores a utilizar son *Equal*, *Greater*, *GreaterEqual*, *Lesser*, *LesserEqual*, *Like*, *AND* y *OR*.

- **Índice:** se aplica a un atributo de una UIAP cuyos valores suponen categorías en las que se divide la información de la UIAP. Es una variante de un filtro estático que primero facilita las categorías y, una vez seleccionada una, muestra la información correspondiente a la categoría elegida. Opcionalmente, al lado de cada categoría se muestra el número de instancias que la UIAP están asociadas a dicha categoría.
- **Vista resumida:** cuando cada instancia de una UIAP tiene asociado un número elevado de información, la vista resumida establece un conjunto de atributos de la clase directora que siempre se muestran, estando el resto ocultos hasta la selección de una instancia. Se puede definir el umbral de activación indicando el número de instancias a partir del cual se activa la vista resumida. Esta PAI puede asociarse a un filtro o un índice, de modo que la vista resumida se activa cuando se activa el filtro o índice asociado.
- **Ordenación:** por defecto, las instancias de una UIAP se ordenan por su identificador. Con el patrón de ordenación se altera este comportamiento, ofreciendo distintos enlaces para ordenar por otros atributos que el usuario puede elegir, junto con el sentido de la ordenación. Se puede aplicar un criterio de ordenación por defecto.
- **Paginación:** cuando el número de instancias de la UIAP es muy elevado, se particiona su visualización en páginas mediante este patrón. Se debe indicar el número de instancias por página junto con el mecanismo de acceso, por secuencia o aleatorio: en el primer caso el usuario puede saltar desde cada página a la siguiente, a la anterior, a la primera o a la última; en el segundo caso puede ir directamente a cualquier página mediante un índice que proporciona enlaces a todas las páginas. Se pueden combinar ambos mecanismos de acceso. Este patrón es compatible con los patrones anteriores.

PAI aplicadas a navegaciones entre CI:

- **Navegación por Objeto:** este patrón asocia una UIAP de un CI origen con una UIAP de un CI destino, especificando un atributo de una clase complementaria de la UIAP origen que ofrecerá un enlace de navegación, clase que está relacionada con la clase directora de la UIAP destino. Cuando el usuario selecciona uno de los valores de este atributo, se pasa al CI destino el identificador de la instancia a la que pertenece el valor seleccionado, de modo que la UIAP destino mostrará las instancias de la clase directora relacionadas con la instancia cuyo identificador se ha pasado. Es el mecanismo para especificar, por ejemplo, navegaciones entre maestro y detalle; este es el caso de tener en un contexto los detalles de un investigador, donde se incluye una lista con las redes de investigación en las que figura donde cada elemento ofrece un enlace que lleva a otro contexto de interacción, el cual incluye los detalles de la red de investigación seleccionada.
- **Navegación Relacional:** el patrón se asocia a una relación entre la clase directora de la UIAP origen y una clase complementaria, la cual a su vez es la clase directora de la UIAP destino. La relación lleva un alias que ofrece un enlace

por cada instancia de la clase directora de la UIAP origen. Al activarse la UIAP destino mediante el mencionado enlace, se mostrarán todas las instancias de la clase directora de esta UIAP relacionadas con la instancia asociada al enlace seleccionado. El ejemplo en este caso sería tener en un contexto los detalles de un investigador, pero en lugar de incluir la lista con las redes de investigación en las que figura, se ofrece un enlace para acceder a dicha lista, enlace que lleva a otro contexto donde se ofrece dicha lista con los detalles de cada elemento.

- **Navegación de servicio:** por defecto, cuando termina correcta o incorrectamente la ejecución de un servicio, el usuario es redirigido al CI donde se inicio dicha ejecución. Este patrón permite cambiar dicho CI siempre y cuando se cumpla cierta condición sobre el resultado de la ejecución (estado o argumentos de salida). Cuando la ejecución del servicio ha sido correcta, se pasa en la navegación el identificador del objeto sobre el que se ejecutó el servicio, de modo que actúa como una navegación por objeto; cuando la ejecución es errónea no se pasa ningún identificador.
- **Filtro navegacional:** este patrón añade a uno de los tres patrones anteriores un filtro que se activa automáticamente, por lo que sólo se permiten fórmulas estáticas. Un ejemplo de su aplicación sería que desde una UIAP origen que muestra la información de un investigador y, mediante una navegación relacional, la UIAP destino muestra las publicaciones de la cual es autor, pero sólo se presentan las publicaciones de los últimos dos años.

PAI mixtas:

- **Edición de instancia:** se asocia a la clase directora de una UIAP y a tres UIAS de dicha clase que realizan las operaciones de creación, modificación y eliminación de sus instancias; el analista puede decidir que alguna de estas operaciones no sea soportada. Además, para cada argumento de los servicios de creación y modificación que no disponga de valor por defecto ni acepte nulos, se debe definir una regla de asociación que relaciona el valor del argumento con un atributo de la UIAP o con un valor fijo. Los argumentos de entrada cuyos valores son automáticos y no modificables se omiten en la representación de este patrón. Con la aplicación de esta PAI a una clase, por ejemplo “Investigador”, se definirían los servicios aplicables para crear, modificar o borrar sus instancias, simplificando así la interacción necesaria para definir los requisitos de mantenimiento de las instancias de la clase.

2.2.2 Modelo de interfaz RIA

Hoy en día las interfaces Web no se limitan simplemente al tradicional código HTML, diseñado originalmente como un lenguaje para describir semánticamente documentos científicos (W3C, 1998). Ahora se incluyen artefactos mediante paquetes Javascript y plugins de diferentes tecnologías, proporcionando en el lado cliente una interacción similar a la de las aplicaciones de escritorio y manejando todo tipo de datos multimedia.

La versión 5 de HTML está orientada precisamente a este enfoque más rico en la composición de las interfaces, con etiquetas que aportan parte de la funcionalidad ahora proporcionada por los artefactos mencionados.

Hay un elevado número de diferentes tecnologías disponibles para el desarrollo de una aplicación web, que además están en permanente evolución y suelen ser rápidamente sustituidas por nuevas tecnologías emergentes. En esta situación se hace aún más necesaria la utilización de un modelo conceptual que simplifique esta complejidad tecnológica, describiendo aspectos de interacción no ligados a ninguna tecnología y que sea reutilizable, más fácil de adaptar y más robusto frente a esta evolución. Este modelo debe recoger los dos conceptos principales de este tipo de interacciones: los componentes gráficos o *widgets* y el soporte a eventos del usuario.

Los *widgets* están clasificados en el modelo de interfaz RIA de OOWS 2.0 en cinco grupos no excluyentes: 1) visualización de datos, como por ejemplo los *datagrids* o los visores multimedia; 2) introducción de datos, con una dependencia entre el tipo de información a introducir y el tipo de datos (p.e. introducción de fechas); 3) navegación, como por ejemplo el enlace subrayado, los menús contextuales, o las pestañas; 4) servicio (p.e. botón o iconos) para iniciar la ejecución de un servicio perteneciente a la lógica de negocio; 4) disposición, para ordenar y situar, físicamente en la IU, los distintos *widgets* o crear grupos de *widgets* para definir interacciones que afectan a todos los *widgets* simultáneamente (p.e. los paneles desplegados).

Respecto a la interacción dirigida por *eventos* producidos sobre los distintos *widgets*, OOWS 2.0 no ofrece una categorización completa y cerrada, pero enumeran los tipos más utilizados:

1. Cambios en la Interfaz de Usuario, que se manifiestan en distintas propiedades que definen un *widget*, pudiendo cambiar tanto su representación visual como su función interactiva. P.e., activar o desactivar la interacción de un *widget* ante cierto evento.
2. Petición de datos bajo demanda, donde un evento lanza la petición de datos específicos a la lógica de negocio, p.e. la función "autocompletar".
3. Ejecución de funcionalidad, que implica una comunicación síncrona de petición-respuesta con la lógica de negocio, habitualmente mostrando un mensaje de progreso.
4. Retroalimentación de validación, que informa al usuario sobre errores producidos como consecuencia de la interacción, proporcionando una posible solución.

La expresividad de estos elementos de Interfaz está fuertemente ligada a la tecnología escogida, lo que complica la definición un modelo que englobe toda la expresividad posible. Por ello OOWS 2.0 propone un metamodelo (ver Anexo A.) sobre las categorías de *widgets* y eventos, que sirve de base para la especificación de metamodelos concretos para una tecnología específica, definiendo entidades abstractas que describen los conceptos que son comunes a todos los metamodelos específicos.

En OOWS 2.0 se utiliza una aproximación basada en *weaving models* (Didonet Del Fabro, et al., 2009) para establecer mediante un metamodelo la correspondencia entre las primitivas conceptuales del Modelo de Interacción Abstracta y las entidades de un Modelo de Interfaz RIA. El objetivo es similar a una transformación M2M, pero con la diferencia fundamental de que no es necesario definir un metamodelo que combine la expresividad de ambos niveles.

A partir de los conceptos introducidos en el metamodelo de interfaz RIA, inicialmente la tesis que presenta OOWS 2.0 introduce trece nuevos patrones Web 2.0 de interacción entre el usuario y el sistema, descritos en el Anexo A.

2.3 Sistemas de Gestión de Contenidos Web

De acuerdo con (Boiko, 2005), los contenidos no son simples datos. Los datos son pequeñas piezas de información que se introducen en almacenamientos electrónicos; el concepto “información” recoge todas las formas habituales de comunicación grabada en formatos electrónicos, que es en lo que los humanos transforman su conocimiento para comunicárselo a otros. Un *contenido* es información objeto de un uso, de modo que el estado del contenido revela el uso que se le puede dar. El estado de un contenido está determinado por los metadatos que acompañan a la información. De este modo, por ejemplo, si la fecha de caducidad es inferior a la fecha actual, el contenido no debe ser accesible para los lectores, o si tiene activo el indicador “pendiente de publicación”, el contenido debe ser revisado y publicado. Un Sistema de Gestión de Contenidos (Content Management System o CMS) permite organizar información y mantenerla organizada, para lo que debe proporcionar toda la funcionalidad que facilite la recopilación y almacenamiento de información, su gestión y publicación; el factor común de todos los CMS es el repositorio de contenidos.

2.3.1 Clasificación de los CMS

Los CMS se pueden clasificar de acuerdo a distintos criterios. La clasificación más utilizada identifica cinco tipos – (Benevolo, et al., 2007) y(Boiko, 2005): 1) “*Document Management*” (DM), uno de los primeros tipos, realizan la gestión e indexación de documentos electrónicos, incluyendo la captura de los mismos a partir de medios físicos (escaneado, extracción de texto, etc.); 2) “*Record Management*” (RM) añade al anterior la gestión de fichas, registros que describen documentos que no existen en formato electrónico; 3) “*Digital Asset Management*” (DAM) hace referencia a los CMS especializados en la gestión y manipulación de contenidos multimedia complejos, como los utilizados por los medios y productoras audiovisuales –imágenes, audios y videos, permitiendo enriquecerlos con elementos gráficos y textuales de forma sincronizada e indexarlos para permitir búsquedas; 4) los Sistemas de Gestión de Contenidos Web (Web Content Management Systems o WCMS) son aquellos CMS que gestionan contenidos expuestos en un sitio Web, donde además se requiere funcionalidades específicas para manejar hipervínculos y aspectos de presentación; 5) “*Enterprise*

Content Management (ECM) es una aproximación integrada para manejar cualquier tipo de información corporativa, independientemente de su formato, por lo que incluye funcionalidad de todos los tipos de CMS anteriores. Las plataformas para comercio electrónico, enseñanza electrónica o gestión del conocimiento son ejemplos de especializaciones empresariales de gestores de contenidos.

Con la popularización y extensión de portales web, los WCMS se han convertido en una de las plataformas más utilizadas (McKeever, 2003), pues incrementan la mantenibilidad de portales con gran cantidad de contenidos o muy cambiantes. Los contenidos de los WCMS son principalmente código HTML, XML, imágenes, documentos, vídeos y elementos de información generados dinámicamente a partir de bases de datos. La funcionalidad ofrecida permite que los expertos en la información creen y mantengan los contenidos del portal, aunque no sean conocedores de las tecnologías Web. Para ello, además del repositorio de contenidos, los WCMS ofrecen mecanismos para desarrollar la capa de presentación, en general, basados en diferentes plantillas que definen la estructura de un conjunto de páginas. Las plantillas establecen la disposición de los contenedores donde se pueden incrustar contenidos del repositorio; el aspecto gráfico es principalmente establecido mediante estilos CSS.

No hay que confundir los gestores de páginas web con los WCMS. Productos como Dreamweaver, Frontpage y Wordpress han evolucionado para proporcionar funcionalidades que permiten a usuarios no técnicos crear sitios web. Sin embargo, estos productos no se basan en contenidos con estados definidos por su metadata y con un sistema para su clasificación basado en etiquetas o categorías, ni proporcionan un mecanismo de presentación para exponerlos en la web. Un WCMS debe ser capaz de gestionar contenidos en diferentes formatos y con diferentes grados de estructura, y de soportar un ciclo de vida que va desde la creación a la destrucción de dichos contenidos. Este ciclo de vida implica la consideración de varios roles de usuarios como editor, publicador, diseñador web, gestor de contenidos y consumidor de contenidos (McKeever, 2003).

Hoy en día gran parte de las plataformas que se utilizan para gestionar contenidos web pueden considerarse ECMS, dado que habitualmente los portales web exponen todo tipo de información de una compañía.

2.3.2 Estándar CMIS

El estándar *Content Management Interoperability Services* (OASIS, 2011) fue publicado por OASIS el 1 de mayo de 2011. Su objetivo era que aplicaciones SW pudieran trabajar con uno o varios gestores de contenidos heterogéneos. Para ello define un conjunto de operaciones de acceso a un repositorio de contenidos genérico mediante Servicios Web, Restful, AtomPub y JSON, de acuerdo a un modelo de dominio también definido en el estándar, así como un lenguaje de consultas tipo SQL. Mediante la implementación de los servicios de acceso, cada fabricante hace correlacionar los elementos del modelo de dominio CMIS con su propio esquema de objetos, ofreciendo así una misma capa de

acceso independiente de plataforma, tal como puede observarse en la Ilustración 2. Su desarrollo fue iniciado por IBM, EMC y Microsoft, y hoy en día lo soportan más de 30 fabricantes de CMS. En la Web de OASIS se puede acceder a una lista de CMS certificados con CMIS, la cual incluye productos muy extendidos como Alfresco, dotCMS, Documentum, Microsoft SharePoint, FileNet, Open Text y Adobe CS5, entre otros.

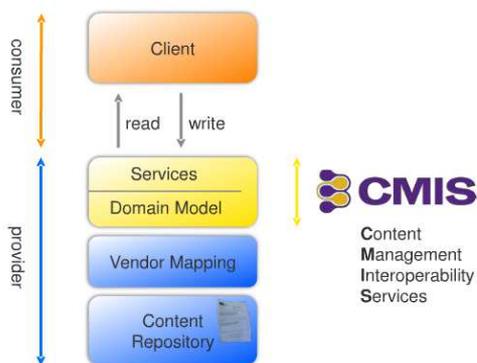


Ilustración 2. Funcionamiento CMIS (Caruana, 2010)

El modelo de dominio de CMIS proporciona una vista unificada de los esquemas de repositorios de contenidos implementados por los distintos fabricantes de CMS, y cuenta con cuatro *tipos básicos* de **objetos**:

1. **Documento**, que representa un objeto de información independiente.
2. **Carpeta**, que representa el contenedor lógico de una colección de objetos que sean contenibles en una carpeta –inicialmente documentos y otras carpetas. La contenibilidad en carpetas de un objeto se define en la propiedad “tipo de objeto”.
3. **Relación**, que representa la instancia de una relación direccional entre dos objetos.
4. **Política**, que representa la regla de administración a aplicar a un objeto controlable. La controlabilidad de un objeto se define en la característica “tipo de objeto”, pero el estándar no especifica qué políticas particulares se han de soportar.

Los dos primeros tipos deben estar presentes en todo repositorio; los dos segundos son opcionales. Además, se puede definir cualquier número de *subtipos* de estos tipos principales que constituyen la base de la jerarquía de tipos.

La característica “tipo de objeto” establece un conjunto de propiedades y restricciones que definen los objetos de ese tipo. Cada “tipo de objeto” tiene un identificador único y una serie de atributos. Un subtipo hereda todo el conjunto de propiedades de su tipo padre.

Un atributo o propiedad se identifica por su nombre, puede ser mono o multivaluada y está asociada a un tipo de datos: string, boolean, decimal, integer, datetime, uri, id, html. Hay propiedades que dependen del tipo de objeto, como la precisión de un decimal.

En la definición del “tipo de objeto” **documento** se especifica si éste debe, puede o no puede tener una cadena binaria que contenga un objeto digital (como un video o una

hoja de cálculo), si es versionable y si permite representaciones alternativas (*renditions*). Un **documento** o una **carpeta** también pueden tener una *lista de control de acceso* (ACL), es decir, la lista de permisos asignados a un usuario o rol.

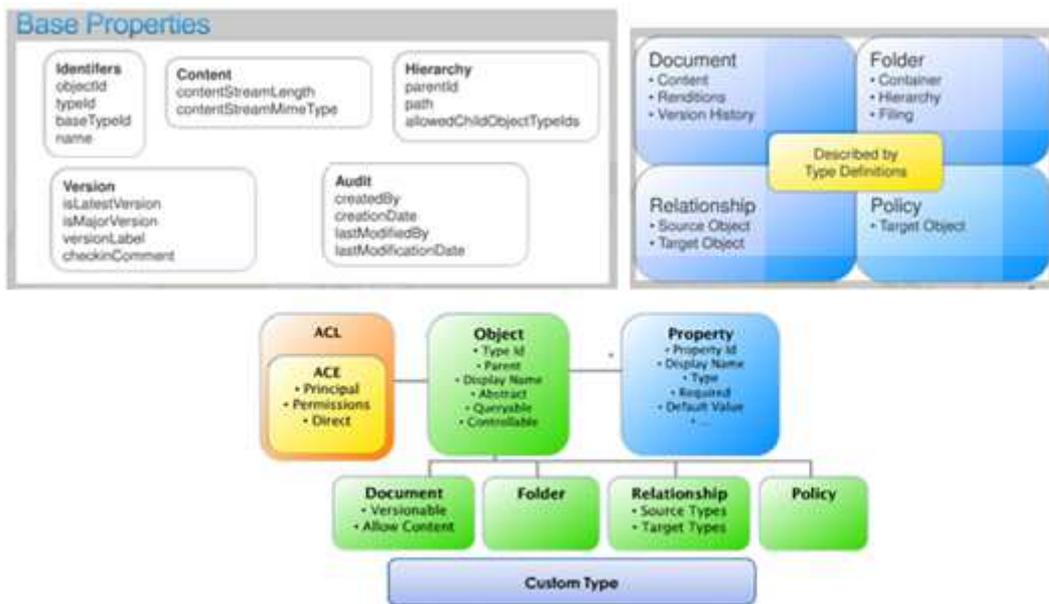


Ilustración 3. CMIS - Definición de tipos (Caruana, 2010)

Todo lo descrito anteriormente se representa de forma esquemática en la Ilustración 3. El estándar CMIS no pretende modelar todo un sistema de gestión de contenidos, sólo el repositorio, por lo que no recoge las características de multilinguaje, roles, usuarios o los elementos de presentación propios de un WCMS.

Ejemplo ilustrativo: 23andme.com

El presente capítulo describe el portal web de genómica personal *23andme.com* mediante el modelo de Interacción Abstracta de OOWS 2.0. Para ello, el capítulo se inicia con un apartado que se describe el método de análisis seguido, donde se indica y justifica qué partes de *23andme.com* se han analizado y qué elementos del método OOWS 2.0 se han utilizado para su modelado. Posteriormente se describen el diagrama de usuarios y los mapas de interacción para los tipos de usuarios “anónimo” y “demo”, de acuerdo al Mapa de Interacción de OOWS 2.0. A continuación se exponen las dificultades encontradas en la expresividad del modelo para describir el portal, y finalmente se incluyen unas conclusiones donde se da una valoración general del Modelo de Interacción Abstracta y se exponen las características del portal *23andme.com*, obtenidas a partir del análisis realizado.

3.1 Método de análisis

El trabajo de análisis realizado para valorar OOWS 2.0 a partir de la web de *23andme.com* supone un proceso de modelado inverso, es decir, a partir de las páginas de la web se han de obtener los modelos OOWS 2.0.

El análisis se ha centrado exclusivamente en la *fase de interacción* de OOWS 2.0. La *fase de requisitos* no es relevante para la evaluación del método ya que éstos están determinados por el propio portal, y en OOWS 2.0 se utilizan técnicas clásicas de ingeniería de requisitos que no es el objeto de estudio de esta tesis de máster. Tampoco es relevante la *fase de funcionalidad y datos* ya que OOWS 2.0 utiliza el modelo de objetos de OO-Method, el cual es equivalente a la definición de un perfil UML sobre el Diagrama de Clases y ha sido validado como funcionalmente completo a través de su uso industrial durante una década. Por último, la *fase de presentación* no ha sido analizada dado que no se han podido representar formalmente los CI de *23andme.com*, debido a las carencias detectadas en el Modelo de Interacción.

Para llevar a cabo la fase de interacción de OOWS 2.0 es necesario conocer previamente el modelo de objetos subyacente a la aplicación. Este no ha sido el caso en el análisis de

23andme.com, ya que el modelo de objetos subyacente es completamente desconocido. En su lugar, se ha ido deduciendo dicho modelo de forma implícita a partir del análisis de cada contexto de interacción identificado, corrigiendo el modelo de objetos cuando era necesario para mantener la coherencia entre todo el conjunto de vistas de clases utilizadas por las unidades abstractas de interacción. Sin embargo, no podemos asegurar que el modelo de objetos deducido sea el utilizado por *23andme.com* ni tampoco aventurar una similitud, por lo que el valor del modelo de objetos deducido se limita a validar la expresividad del modelo de interacción de OOWS 2.0. Debido a esto y al hecho de que no se trata de validar el modelo de objetos usado por OOWS, no se incluye el modelo deducido como resultado de esta tesis de máster.

El análisis de *23andme.com* se ha llevado a cabo durante el mes de junio de 2011 y ha supuesto las actividades y resultados indicados en la Ilustración 4. La primera actividad del análisis conducido se corresponde a la primera parte de la actividad “Modelado de usuarios” de la fase “Interacción” del método OOWS 2.0, la cual analiza los tipos de usuarios de la aplicación web para obtener el “Diagrama de Usuarios”. La segunda actividad de la ilustración se corresponde con la segunda parte de la mencionada actividad del método OOWS 2.0 para el caso del tipo de usuario anónimo; análogamente sucede con el tipo de usuario “demo” y la tercera actividad representada en la ilustración. La última actividad se corresponde con la actividad “Modelado de Interacción Abstracta” de la fase “Interacción” del método OOWS 2.0 correspondiente al Mapa de Interacción del usuario “demo” –no se han analizado los contextos de interacción del usuario anónimo porque se trata de páginas estáticas, sin interacción con el Sistema de Información. En lugar de obtenerse como productos de la mencionada actividad las UAIs de cada CI del mapa de interacción del usuario “demo”, se ha obtenido un informe con las carencias de expresividad del método OOWS 2.0 que han impedido obtener dichos modelos en este caso en particular. Finalmente, se caracteriza el portal *23andme.com* utilizando la información obtenida del análisis realizado en las actividades anteriores, identificando sus contenidos y posibles problemas de su implementación.

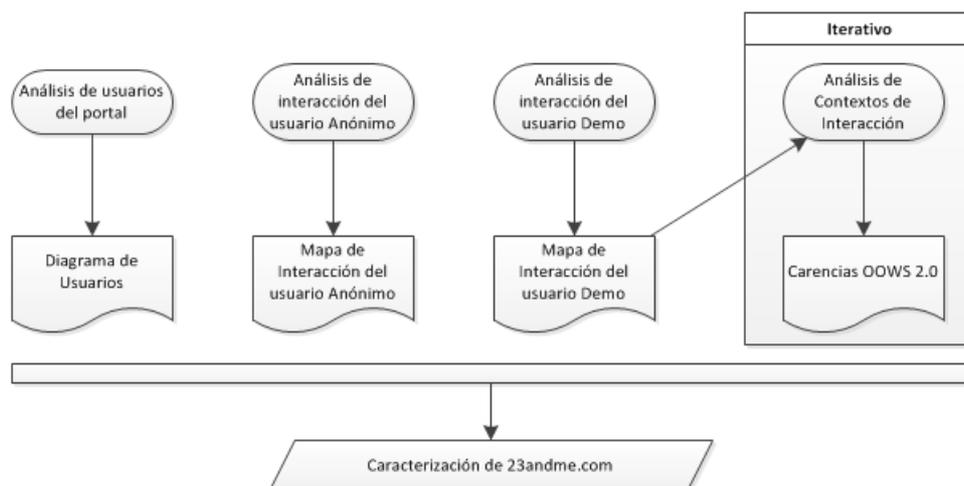


Ilustración 4. Tareas de análisis y resultados

Actualmente no se dispone de ninguna herramienta para crear los modelos OOWS 2.0. Aunque este método no se basa completamente modelos UML, se han podido representar los elementos del Modelo de Interacción Abstracta mediante diagramas de clases UML utilizando el editor *Visual Paradigm Community Edition*, empleando estereotipos y anotaciones (también llamadas notas o comentarios) para completar la representación de la semántica de los elementos del modelo de OOWS 2.0.

Un *estereotipo* es una propiedad estática de un elemento UML, por lo que siempre acompañará al elemento en cualquier diagrama donde se le incluya. El analista puede definir un conjunto de estereotipos para cada tipo de elemento UML (clase, atributo, nota, relación, etc.) dotándolos de una semántica específica. Aunque UML permite varios estereotipos por elemento, sólo se utilizará uno como máximo al modelar los constructores de OOWS 2.0. Una *anotación* es un elemento UML que simplemente se asocia a otro y contiene un texto.

Para la representación de cada CI en el Mapa de Interacción se ha utilizado además, entre paréntesis, el nombre del diagrama donde está definido el CI: "Root" o ningún nombre para el nivel de aplicación y el nombre del subsistema o grupo en el resto de los casos. Este añadido se ha introducido para mejorar la mantenibilidad y legibilidad del modelo, al permitir identificar a simple vista el antecesor de cada contexto de interacción.

La herramienta UML utilizada también ha facilitado la gestión de todos los elementos de modelo creados para realizar el análisis, evitando así duplicidades o inconsistencias entre diferentes vistas.

Además, cada CI se ha descrito mediante una plantilla que proporciona el nombre del contexto, su tipo, descripción, URL y, en el caso de un contexto de secuencia, los contextos desde los que se llega a éste y a los contextos de secuencia que se llega desde éste:

Nombre	<i>(Nombre del contexto de interacción)</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	(descripción del contenido la interacción del contexto)	
URL	URL del contexto	
Alcanzable desde	(lista de los contextos desde los que se puede alcanzar a éste)	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
(contexto que se puede alcanzar desde éste)	(texto que presenta el enlace que lleva al contexto alcanzable)	

Estas plantillas se agrupan por subsistema o conjunto de contextos temáticamente relacionados.

3.2 Diagrama de Usuarios

El Diagrama de Usuarios del portal de genómica personalizada *23andme.com* es el siguiente:

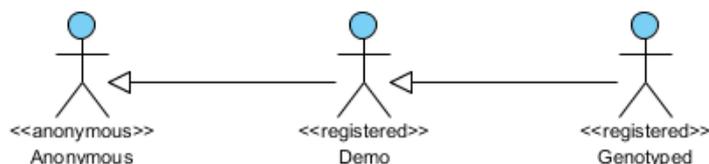


Ilustración 5. Mapa de usuarios

A continuación se describen cada uno de los tipos de usuarios identificados y su relación taxonómica:

- **Anonymous:** usuario anónimo que accede a la parte pública de la aplicación, donde se describe el servicio que ofrece 23andme y se proporcionan los mecanismos para contratarlo.
- **Demo:** usuario registrado que accede a los servicios del portal en modo demo, es decir, con datos de ejemplo. Todo usuario demo tiene asociados dos genotipos de una familia ficticia: Lilly Mendel (la madre) y Greg Mendel (el padre). Hay cierta funcionalidad que no es accesible, como por ejemplo el buscador de familiares.

Puede acceder a todos los contextos accesibles por el usuario anónimo.

- **Genotyped:** usuario registrado con los datos reales de su genoma obtenidos del análisis de una muestra de su ADN, la cual envió previamente tras comprar el servicio de *23andme.com*. Estos usuarios acceden a todos los servicios del portal con sus propios datos.

Se han descrito al detalle los Mapas de Interacción de los dos primeros tipos de usuarios, ya que no se dispone de un usuario registrado –con una muestra real de ADN– para poder analizar el tercero. Tampoco se ha visto necesario adquirir un usuario “genotyped”, ya que el usuario “demo” presenta prácticamente la misma interacción que aquél.

3.3 Mapa de Interacción del usuario Anónimo

La zona anónima de *23andme* tiene el propósito de mostrar los servicios que se ofrecen a partir del análisis del ADN.

3.3.1 Descripción general

La información principal se encuentra en la página de bienvenida, que incluye una presentación gráfica sobre el funcionamiento de *23andme* y enlaces a contextos sobre condiciones fenotípicas, comentarios de *twitter*, iniciativas de investigación de *23andme*, descubrimientos realizados por algunas de estas iniciativas, y recursos científicos.

El menú principal pretende exponer las líneas generales de *23andme* –salud y ancestros- y cómo se realiza el análisis de ADN, ofreciendo desde cualquier contexto múltiples enlaces a la tienda para comprar uno de sus productos. Hay tres productos que empaquetan dos servicios de pago: el análisis del ADN y la suscripción mensual. A pesar de la información ofrecida, no se obtiene una descripción clara de cómo funcionan realmente los servicios de pago, sobre todo la suscripción mensual.

Mediante el menú superior se ofrece una FAQ sobre los contenidos de *23andme* y un tutorial sobre genética, y mediante el menú inferior se ofrecen enlaces a la información corporativa y los términos del servicio.

Navegando por los diferentes enlaces se observa que esta zona anónima ha sufrido un rediseño y algunos llevan al antiguo, como por ejemplo los enlaces del menú inferior. El diseño antiguo era más estructurado, con un menú lateral de segundo nivel por cada sección; el nuevo diseño tiene un único nivel. Las páginas a las que se llega navegando por los enlaces de menú y de contenidos carecen de la referencia del camino de navegación (por ejemplo <https://www.23andme.com/health/all/>) e incluso algunas páginas pierden la estructura general de menús (por ejemplo <https://www.23andme.com/sarcoma/>), lo que hace compleja la navegación por esta zona anónima más allá de los enlaces de las opciones del menú principal.

3.3.2 Contextos de interacción

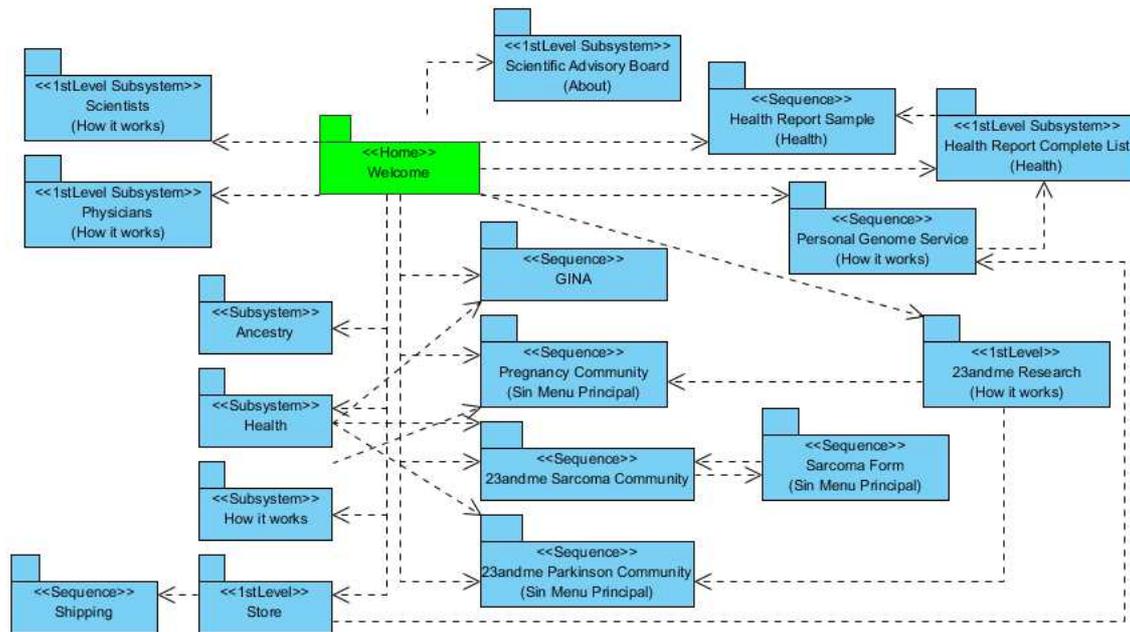


Ilustración 6. Contextos principales del usuario anónimo

Todos los contextos de este mapa de interacción son contextos estáticos, sin interacción con el Sistema de Información, y casi todos tienen una misma estructura de menús: menú principal, menú superior y menú inferior. Sin embargo, algunos contextos pierden algunos de estos menús e incluso todos ellos, lo cual se ha considerado un error en el diseño de la web.

La Ilustración 6 muestra los conceptos principales del mapa de interacción del usuario anónimo, es decir, los directamente relacionados con el contexto “Home”.

Las opciones que se presentan en el menú principal se asemejan a la típica configuración de los subsistemas, pero sólo “Health” y “Ancestry” son verdaderos subsistemas, ya que “Welcome” es la página principal, “Store” es la página del carrito de la compra y “How it Works” es una página que no expone ningún submenú de subsistema ni enlaces a contextos del subsistema. Sin embargo, se ha considerado que se debe a errores de diseño y que es en realidad el contexto “Home” de dicho subsistema. Los contextos mencionados se muestran en la Ilustración 6 y se incluyen sus tablas descriptivas en el Anexo B.

La Ilustración 7 representa los contextos del mapa de interacción del usuario anónimo que se presentan como menú superior. Sus tablas descriptivas se pueden encontrar en el Anexo B.

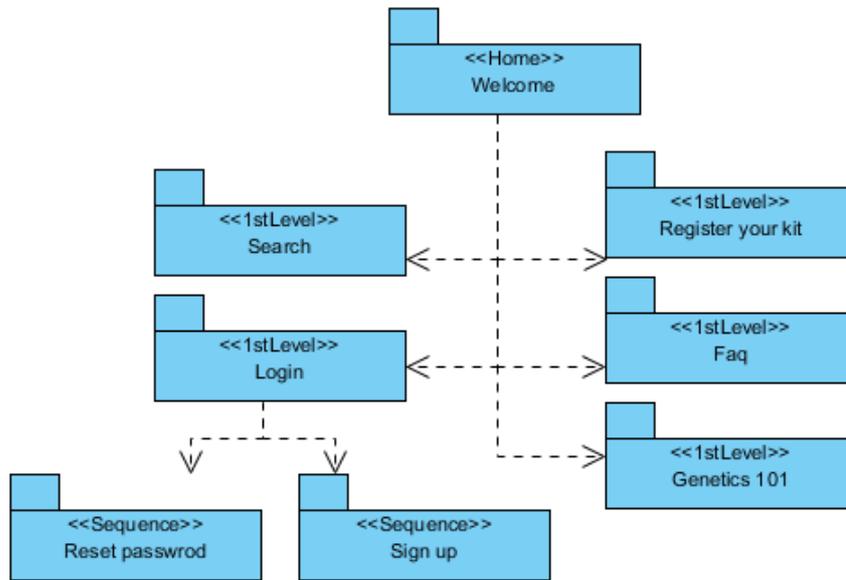


Ilustración 7. Contextos del usuario anónimo en menú superior

Todos los elementos del menú inferior representados en la Ilustración 8 son enlaces a directos a contextos de dos subsistemas, “About” y “How it Works”, cuyo nombre se indica entre paréntesis. Estos contextos se describen en los apartados de los subsistemas correspondientes incluidos en el Anexo B.

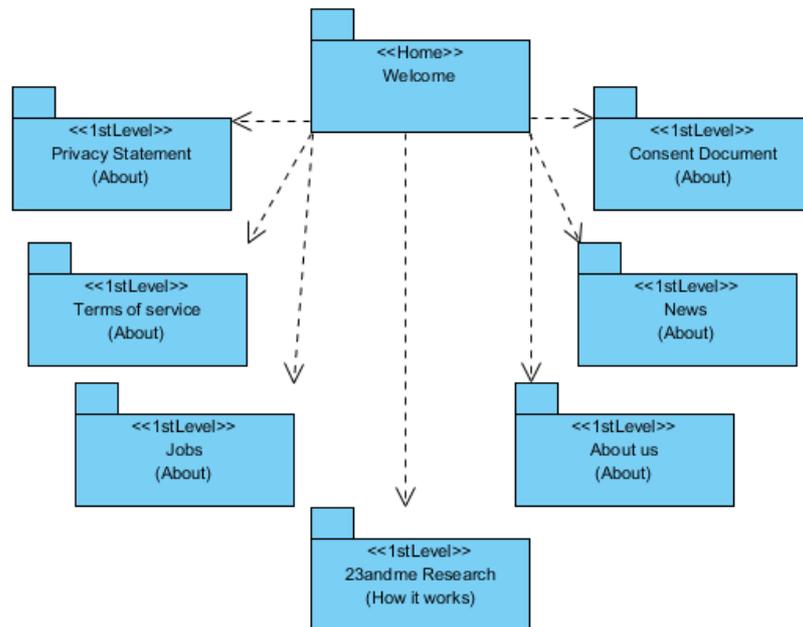


Ilustración 8. Contextos de 1er nivel del usuario anónimo en menú inferior

3.4 Mapa de Interacción del usuario demo

El propósito de la interacción con los usuarios demo es mostrarles toda la funcionalidad que ofrece 23andme a sus clientes mediante un conjunto de datos de prueba.

3.4.1 Descripción general

Todos los contextos de interacción del usuario demo tienen una misma estructura de menús: menú lateral izquierdo, menú superior y menú inferior.

Las opciones del menú lateral son:

- Inbox
- My Health
 - Disease Risk
 - Carrier Status
 - Drug Response
 - Traits
- Health Labs
- My Ancestry
 - Maternal Line
 - Paternal Line
 - Relative Finder
 - Ancestry Painting
 - Global Similarity
- Ancestry Labs
- Sharing & Community
 - Compare Genes
 - Family Inheritance
 - 23andMe Community
 - Genome Sharing
- 23andWe
 - Research Surveys (30)
 - Research Snippets
 - Research Initiatives
 - Research Discoveries

Las opciones del menú superior:

Account:

- My Profile
- Settings
- Manage Sharing
- Browse Raw Data

Help:

- FAQ
- Genetics 101

El menú inferior son enlaces a los contextos del subsistema “About” del usuario anónimo.

Por otra parte, existe el enlace “Personal Genome Service” en el encabezado de todas las páginas que dirige al contexto donde se contrata el análisis del genoma, es decir, el contexto “Store” del usuario anónimo. También está siempre disponible la introducción de un criterio de búsqueda y la obtención de sus resultados clasifica sus resultados por sección, y desde cualquier parte de la aplicación se puede acceder a una amplia FAQ y un tutorial sobre

genética. Existen enlaces directos desde diferentes contextos a entradas de la FAQ para que el usuario pueda entender todos los conceptos.

El menú izquierdo tiene agrupadas sus entradas por temas: salud, ancestros, comunidad e investigación. Los temas agrupan los servicios de información que ofrece el portal al usuario registrado:

1. Informes sobre condiciones fenotípicas de la persona

Los clasifica en riesgos de enfermedades, enfermedades portadas, características físicas y tolerancia a los medicamentos. Ofrece resultados tanto a partir de estudios científicos consolidados como de estudios científicos preliminares, cada uno clasificado por su grado de confianza y ofreciendo citas a publicaciones relacionadas. Para cada informe proporciona una extensa descripción así como información sobre la influencia de los genes y el entorno, además de ofrecer un foro específico donde los usuarios pueden poner o responder comentarios. En relación al riesgo de enfermedades, los estudios consolidados ofrecen la probabilidad de riesgo en relación a la etnia, rango de edad y sexo, indicando tanto el riesgo medio como el riesgo asociado al genotipo de la persona.

También se ofrece la descarga de todo el genotipo obtenido de la persona en formato texto.

2. Información sobre el origen de la persona

Ofrece información sobre los haplogrupos, tanto mitocondriales (línea materna) como del cromosoma Y (línea paterna), que proporciona la procedencia geográfica de los antepasados de la persona.

También se ofrece un buscador de personas posiblemente emparentadas, única funcionalidad de la que se no se dispone una simulación en modo demo. Asimismo, se ofrece un foro de discusión específico por cada haplogrupo.

3. Herramientas de comunidad

23andme ofrece a sus usuarios la posibilidad de crear y responder comentarios. Éstos están clasificados por tema de discusión (salud, línea materna, línea paterna, buscador de parientes o producto) y, en ciertas discusiones, por una etiqueta (una condición fenotípica, un haplogrupo); esto permite crear foros especializados sobre ciertos tópicos. Cada usuario puede crearse su propia lista de comentarios o etiquetas favoritas.

También se pueden buscar personas y ver sus perfiles públicos o compartidos de acuerdo al nivel de visibilidad de los datos personales, el cual puede ser configurado por cada usuario.

Otra herramienta de comunidad es el *comparador de genomas*. Una cuenta *23andme* puede albergar varios perfiles, por ejemplo, una pareja puede crear una única cuenta que contenga sus dos perfiles. Además, mediante las herramientas de comunidad se pueden compartir perfiles genéticos entre usuarios. De este modo, cada usuario tiene acceso a un número variable de perfiles genéticos de otras personas con los que hacer comparaciones, en relación a todo el genoma o sólo a ciertos genes de entre una lista dada de condiciones fenotípicas o de entre los indicados por el usuario.

El resultado de la comparación se ofrece mediante porcentajes de coincidencia o mediante gráficos que representan las similitudes en cada cromosoma.

4. Investigación 23andme (23andWe)

Se encuentran varias encuestas para ser realizadas de forma voluntaria por los usuarios, y que 23andme utiliza en sus investigaciones para correlacionar genotipos y fenotipos. También publican en esta sección los descubrimientos que realizan mediante esta herramienta.

Por otra parte, hay comunidades específicas para realizar ciertas investigaciones destacadas, como por ejemplo embarazo, Parkinson y longevidad. Estas comunidades tienen sus propios miembros y sus propios foros.

Respecto al modelo de objetos subyacente a esta zona demo, éste se puede estructurar en cinco grupos: 1) datos sobre la información del usuario, incluyendo los del análisis de su ADN, 2) clases para construir los informes genéticos, 3) clases para desarrollar la información sobre ancestros, 4) clases para estructurar y gestionar las comunidades de usuarios, y 5) clases para realizar y almacenar encuestas. Se ha observado que las UAIP tienen siete clases de media, siendo las vistas con más clases (entre doce y quince) las utilizadas por las UAIP relacionadas con los informes genéticos.

3.4.2 Contextos de interacción

Dado que hay 27 contextos de primer nivel en la aplicación, sin contar con los del menú inferior, es necesario un mecanismo que proporcione claridad en un Mapa de Interacción con tantos elementos. Para ello se ha introducido el concepto de grupo (estereotipo “Group”) que permite agrupar contextos sin ninguna implicación semántica, y describir los CI agrupados en otro submapa. La Ilustración 9 representa el mapa de interacción del usuario Demo con el uso de grupos de CI, donde puede observarse que se produce el cambio de usuario demo a usuario anónimo con la navegación a los contextos “Register Kit” y “Store” y al subsistema “About”.

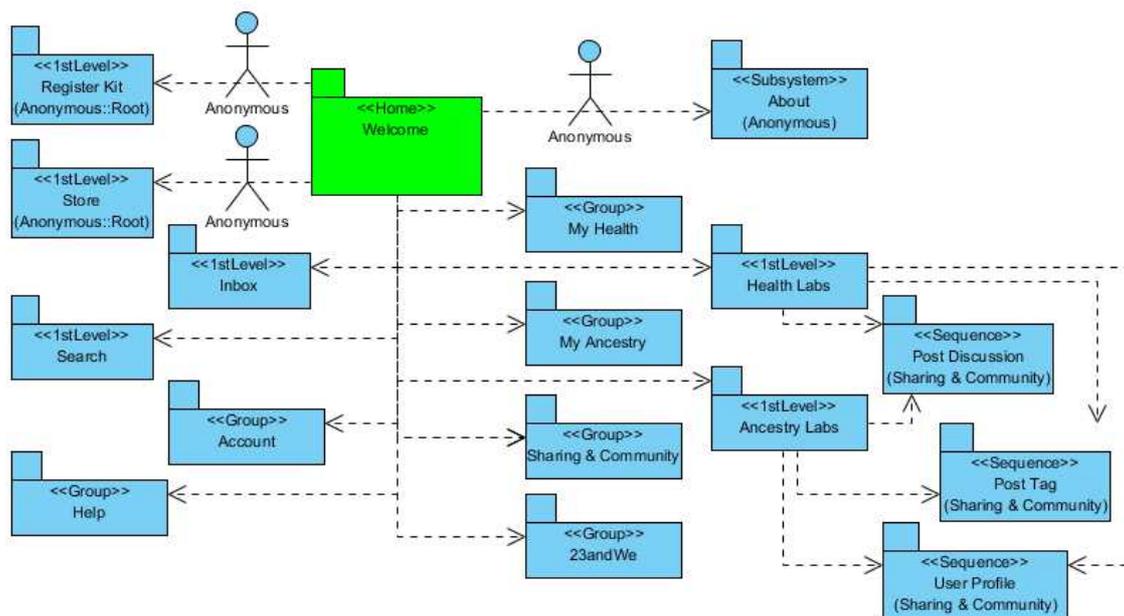


Ilustración 9. Contextos de interacción del usuario demo

3.4.3 Contextos de Interacción accesibles desde “Home”

A continuación se describen los contextos de interacción incluidos en la Ilustración 9:

Nombre	<i>Welcome</i>	
Tipo	<input checked="" type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto “Home” de la aplicación para los usuarios registrados en modo demo.</p> <p>Tiene un enlace de secuencia a “Register Kit”, contexto de primer nivel en el mapa de interacción del usuario anónimo</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Anonymous::Root::Register Kit	Register it now »	

Nombre	<i>Search</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Ofrece una caja de texto con el criterio de búsqueda, un seleccionable para elegir la zona de búsqueda dentro de la aplicación 23andme y un botón para lanzar una nueva búsqueda.</p> <p>Muestra los resultados que coinciden con el criterio de búsqueda establecido. Los resultados están paginados, agrupados por tipos, y por cada uno se muestra un título con un enlace a su detalle y el resto de campos dependiendo del tipo de resultado.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/search/?isearch={criterio de búsqueda}	
Contextos Alcanzables		
Todos los resultados llevan a los diferentes contextos relacionados		

Nombre	<i>Inbox</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto que permite ver los mensajes del usuario (recibidos, enviados y archivados) además de enviar nuevos mensajes.	
URL	https://www.23andme.com/user/messages/	

Nombre	<i>Account</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Encabezado que agrupa los contextos sobre información personal del usuario conectado. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0 ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación expuestos mediante un desplegable.	

Nombre	<i>Help</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Encabezado que agrupa los contextos sobre información de ayuda de la aplicación. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0 ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación expuestos mediante un desplegable.	

Nombre	<i>My Health</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Encabezado que agrupa los contextos sobre los informes de salud relativos al usuario, así como toda la información relacionada. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0 ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación encabezados por el nombre del subsistema, que en este caso también es un enlace al contexto “home” del subsistema.	

Nombre	<i>Health Labs</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Muestra temas experimentales no incluidos en “My Health”. Aunque Hay navegaciones a partir del nombre de cada tema, se puede considerar que es una mera cuestión de presentación de la información de cada tema: nombre, autor, breve descripción, texto explicativo, enlace a los comentarios con la etiqueta relacionada y enlace para enviar un comentario.</p> <p>También hay algunos enlaces asociados a autores de los temas que llevan a su perfil en la comunidad 23andme.</p> <p>Encabeza el listado de temas una breve introducción y un enlace a la discusión sobre “Labs”.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/labs/health/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	Discuss 23andMe Labs	
Sharing & Community::Post Tag	Discuss this feature por cada tema.	
Sharing & Community::User Profile	Autor de tema	

Nombre	<i>My Ancestry</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Encabezado que agrupa los contextos sobre la información relacionada con ancestros y familiares. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0, ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación encabezados por el nombre del subsistema. No tiene contexto “Home”.</p>	

Nombre	<i>Ancestry Labs</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Muestra temas experimentales no incluidos en “My Ancestry”. Sus contenidos se estructuran de la misma forma que el contenido de “My Health”.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/labs/ancestry/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	Discuss 23andMe Labs	
Sharing & Community::Post Tag	Discuss this feature por cada tema.	
Sharing & Community::User Profile	Autor de tema	

Nombre	<i>Sharing & Community</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Encabezado que agrupa los contextos sobre comparación de genes, compartición de información e intercambio de comentarios. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0, ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación encabezados por el nombre del subsistema. No tiene contexto "Home".	

Nombre	<i>23andWe</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Group <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Encabezado que agrupa los contextos sobre iniciativas de investigación de 23andme. No es un subsistema con la semántica de OOWS 2.0, ya que es una simple agrupación de enlaces a contextos de primer nivel de aplicación encabezados por el nombre del subsistema. No tiene contexto "Home".	

3.4.4 Grupo "Account"

Representa los contextos de primer nivel de aplicación cuyos enlaces se muestran simplemente pulsando sobre la opción "Account" del menú superior de la aplicación, accesible desde cualquier contexto.

Agrupa contextos relacionados con la información personal del usuario que se muestran en la Ilustración 10, cada uno de los cuales es descrito con la correspondiente tabla a continuación:

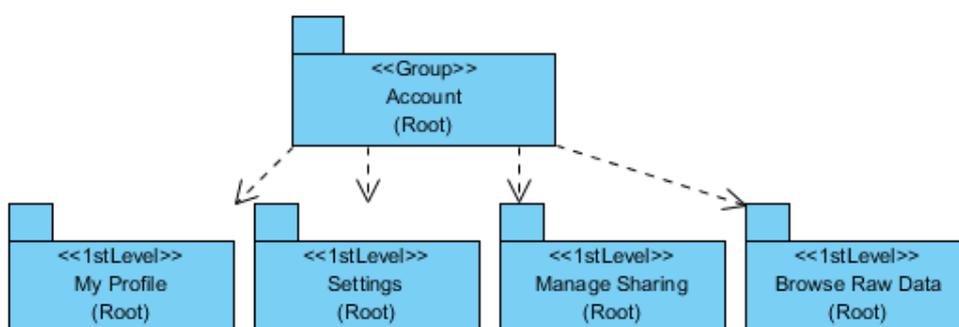


Ilustración 10. Grupo "Account"

Nombre	<i>My Profile</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario para modificar la información del perfil del usuario (información personal, sobre orígenes y sobre insignias) e indicar el nivel de visibilidad de cada dato. La visibilidad de los datos se comprueba mediante las vistas “View Profile” y “View Public Profile” incluidas como pestañas dentro del contexto.	
URL	https://www.23andme.com/user/profile/	

Nombre	<i>Settings</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Formulario para modificar la dirección de correo electrónico, contraseña y pregunta secreta del usuario, las opciones de privacidad, las opciones de notificación, la inclusión o no de datos de ejemplo (necesarios en modo demo), la información de facturación (vacía para el modo demo) y las opciones sobre comentarios, anuncios y actividades. También se permite bloquear usuarios, pero esto no está disponible para las cuentas demo.</p> <p>Los campos del formulario están divididos en varias pestañas:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Account 2. Privacy/Consent 3. Notifications 4. Example Profiles 5. Billing 6. News Feed 	
URL	https://www.23andme.com/user/edit/	

Nombre	<i>Manage Sharing</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto siempre accesible pero que sólo informa de que no hay información compartida y de que se necesita que un usuario registrado de tipo “genotyped” comparta su genotipo contigo, ya que no se pueden compartir genotipos entre usuarios demo.	
URL	https://www.23andme.com/user/profile/sharing/	

Nombre	<i>Browse raw data</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto que ofrece tres filtros de búsqueda individuales (no combinables): la lista de cromosomas (con el total de bases, genes y SNPs por cada uno) para seleccionar uno, caja de texto para indicar el nombre de un gen y caja de texto para indicar la referencia de un SNP.</p> <p>Cuando hay un filtro activo, se presenta la lista de los SNPs de un cromosoma del genoma del usuario de acuerdo al filtro de búsqueda utilizado. La lista se encuentra paginada y tiene 6 columnas: gen, posición, SNP, versiones de nucleótidos, genotipos y perfiles, donde los dos últimos campos pueden tener varias filas, cada una indicando un perfil y una secuencia de nucleótidos que contiene. Además, hay un símbolo desplegable por cada SNP que ofrece enlaces a referencias externas sobre el SNP y el gen (en caso de no ser SNPs intergénicos), así como la orientación en dbSNP.</p> <p>La lista está ordenada por posición de SNP y la encabeza el nombre del cromosoma donde se encuentran los SNPs listados, con su total de bases, genes y SNPs, así como la posición de inicio y fin.</p> <p>También se ofrece el servicio "Download raw data" que presenta un formulario para descargar un fichero ASCII con los datos de los SNPs presentes en el genoma del usuario. Los campos del formulario son la contraseña, la respuesta a la pregunta secreta, el tipo de conjunto de datos a descargar (todo el DNA, el cromosoma Y o el cromosoma mitocondrial) y qué perfil se descarga (Lilly Mendel o Greg Mendel).</p>	
URL	https://www.23andme.com/user/profile/sharing/	

3.4.5 Grupo "Help"

Representa los contextos de primer nivel de aplicación cuyos enlaces se muestran simplemente pulsando sobre la opción "Help" del menú superior, accesible desde cualquier contexto.

Agrupar contextos relacionados con la información para ayudar al usuario, los cuales se muestran en la Ilustración 11, y se describen con las correspondientes tablas incluidas a continuación:

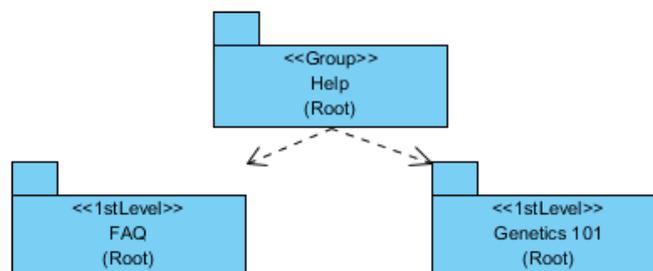


Ilustración 11. Grupo "Help" en demo

Nombre	<i>FAQ</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto que ofrece una lista de preguntas y respuestas (cada respuesta en ventana emergente) agrupadas por temas. Encabeza la página la lista de temas con enlaces que te posicionan al principio del grupo correspondiente.</p> <p>También ofrece enlaces a partes del tutorial ubicado en el contexto “Genetics 101” y un enlace para enviar un correo electrónico a 23andme.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/help/	

Nombre	<i>Genetics 101</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto que ofrece un tutorial en cuatro partes: “Key Words to Know for Genetics”, “Key Words to Know for Ancestry”, “How are Genes Inherited?” Y “Human Prehistory: A Timeline”, un par de videos y dos grupos de FAQs que no están incluidas en el contexto “FAQ”.</p> <p>Es un contexto estático.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/gen101/	

3.4.6 Grupo “My Health”

Representa los contextos de primer nivel de aplicación que siempre están visibles en el menú izquierdo bajo el encabezado “My Health”; en este caso, dicho encabezado presenta un enlace que lleva a un contexto que se ha considerado el contexto “home” del grupo.

Agrupar contextos que proporcionan diferentes vistas de los informes sobre los fenotipos deducidos del perfil del usuario obtenido del análisis de su ADN, los cuales se muestran en la Ilustración 12 y la Ilustración 13. Por simplificar enlaces, todos los contextos de “My Health” que llevan a contextos de “Sharing & Community” se han separado en otra ilustración.

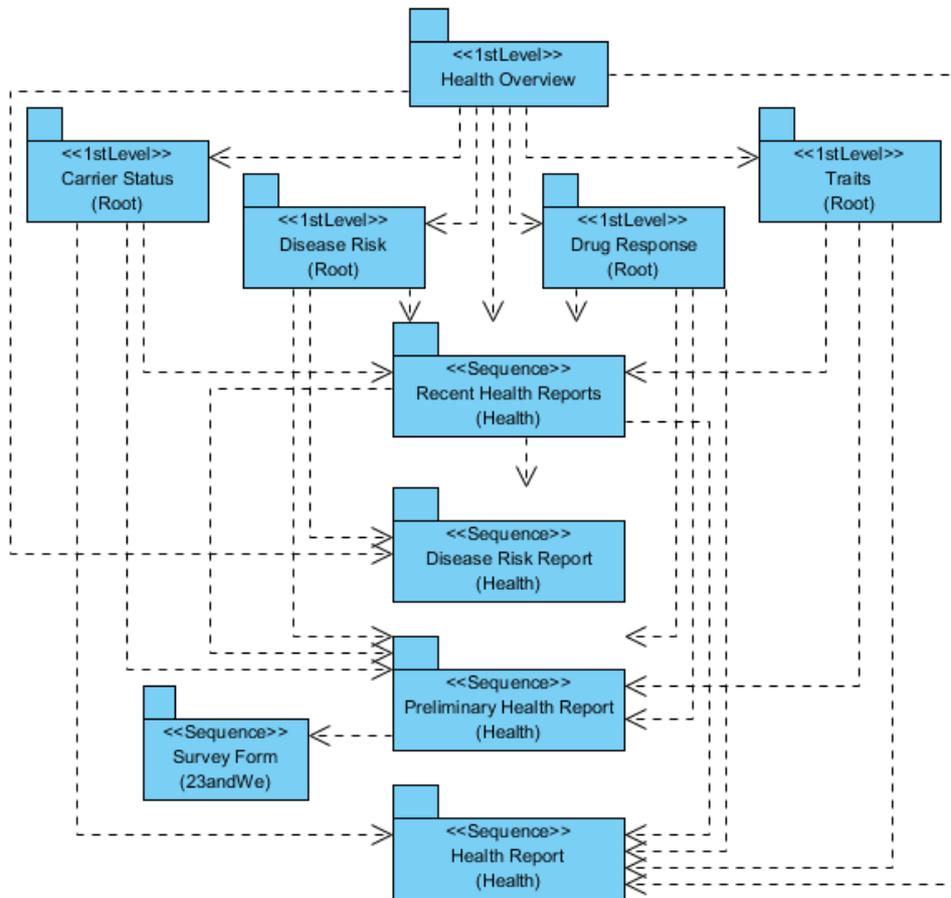


Ilustración 12. Grupo "My Health"

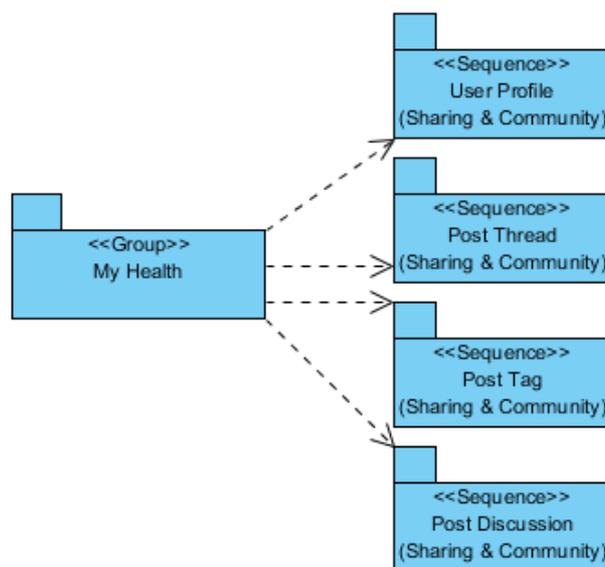


Ilustración 13. Relación "My Health" y "Sharing & Community"

A continuación se describe cada contexto del grupo con la correspondiente tabla:

Nombre	<i>Health Overview</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: listado de los informes más importantes de las cuatro categorías (riesgo de enfermedad, enfermedades portadas, respuesta a drogas y características físicas) respecto al perfil seleccionado y últimos comentarios correspondientes a la discusión sobre salud.</p> <p>En la primera parte, se puede elegir entre el perfil de Lilly Mendel (mamá) o el de Greg Mendel (papá). Cada grupo de informes se encabeza con el nombre de la categoría, el total de informes agrupados y, si existe, el total de informes bloqueados dentro del grupo. Éste último total presenta una ventana emergente, al pulsar sobre él, donde se describe el significado del bloqueo y la lista de informes bloqueados.</p> <p>En cada grupo hay un enlace para ver todos los informes de esa categoría y cada elemento listado tiene el nombre del informe, la situación correspondiente al perfil seleccionado y, si existe, la situación media de la población. Cada nombre de informe proporciona un enlace para ver el contenido completo de ese informe, y le puede acompañar un icono indicando si es un informe sólo aplicable a mujeres, sólo aplicable a hombres, recientemente añadido, recientemente actualizado, bloqueado o con una encuesta 23andme en curso. También existe un enlace para imprimir este resumen y otro para ir al contexto donde se presentan los informes recientes sobre salud.</p> <p>Existen tres tipos de informes: los informes sobre estudios preliminares, los informes sobre estudios consolidados respecto al riesgo de enfermedades y los informes sobre estudios consolidados respecto al resto de categorías.</p> <p>En la segunda parte del contexto, por cada comentario se muestra la foto y nombre del que ha publicado el comentario, el tema, la etiqueta y el número de respuestas. Pinchando en el tema o en el número de respuestas se accede al contexto que muestra el hilo de conversación; con la foto o el nombre del publicador se accede a su perfil; con la etiqueta se accede al contexto que lista todos los comentarios con esa etiqueta. También hay un enlace para ver todos los comentarios de la discusión sobre salud.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/health/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Recent Health Reports	See new and recently updated reports	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o total de respuestas de un comentario.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario.	

Nombre	<i>Disease risk</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el listado del riesgo de enfermedades del perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel) y los últimos comentarios en la discusión sobre salud. Esta última parte es igual que en el contexto “My Health”.</p> <p>Los informes de riesgo de enfermedad del perfil seleccionado están agrupados por categoría: riesgo elevado, reducido y típico. Por cada informe se indica su nombre y su grado de confianza (los informes no preliminares siempre tienen el máximo grado), indicando con un icono junto al nombre si es un informe sólo aplicable a mujeres, sólo aplicable a hombre, recientemente añadido, recientemente actualizado, bloqueado o con una encuesta 23andme en curso.</p> <p>Además, en los informes no preliminares se indica el porcentaje de riesgo calculado para el perfil seleccionado y el calculado para la media de población, indicando además la proporción entre ambos porcentajes y una comparativa gráfica mediante una ventana emergente. En los informes preliminares hay un icono con una ventana emergente que indica el número de marcadores (SNPs) que se consideran para el cálculo de riesgo de enfermedad y cuántos hay de cada categoría de riesgo.</p> <p>Dentro de cada grupo, los informes se listan por orden decreciente de grado de confianza como primer criterio, por orden decreciente de porcentaje de riesgo para el perfil como segundo criterio y por orden alfabético creciente como tercer criterio.</p> <p>Con cada nombre de informe se accede al contexto que lo describe. También se ofrece un enlace a la lista de informes recientes sobre salud.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/health/risk/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Recent Health Reports	See new and recently updated reports	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario de un comentario.	

Nombre	<i>Carrier Status</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el listado de enfermedades portadas o no por el perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel) y los últimos comentarios de la discusión sobre salud. Esta última parte es igual que en el contexto "My Health".</p> <p>Los informes se dividen en dos grupos: bloqueados y sin bloquear. Por cada informe se indica su nombre, su grado de confianza (máximo sólo si es un informe no preliminar) y si el perfil es portador o no, indicando con un icono junto al nombre si es un informe sólo aplicable a mujeres, sólo aplicable a hombre, recientemente añadido, recientemente actualizado, bloqueado o con una encuesta 23andme en curso. Dentro de cada grupo se enumeran los informes por orden decreciente del grado de confianza como primer criterio y por orden alfabético creciente como segundo criterio.</p> <p>Con cada nombre de informe se ofrece un enlace hacia el contexto que lo describe. También se ofrece un enlace a la lista de informes recientes de salud.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/health/carrier/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Recent Health Reports	See new and recently updated reports	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Drug Response</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el listado de informes sobre la respuesta ante drogas según el perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel) y los últimos comentarios de la discusión sobre salud, parte idéntica al contexto "My Health".</p> <p>Por cada informe se indica su nombre, su grado de confianza y el estado del perfil, indicando con un icono junto al nombre si es un informe sólo aplicable a mujeres, sólo aplicable a hombre, recientemente añadido, recientemente actualizado, bloqueado o con una encuesta 23andme en curso; sobre el estado del perfil aparece una ventana emergente con una breve descripción. Los informes se ordenan por grado de confianza en sentido decreciente y, en igualdad de condiciones, por orden alfabético decreciente respecto a su nombre. Sólo los informes no preliminares tienen el máximo grado de confianza.</p> <p>Con cada nombre de informe se ofrece un enlace para acceder al contexto que lo describe. También se ofrece un enlace a la lista de informes recientes.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/health/carrier/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Recent Health Reports	See new and recently updated reports	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Traits</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto es exactamente igual al contexto "Drug Response" pero con informes sobre características físicas del perfil seleccionado.	
URL	https://www.23andme.com/you/health/traits/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Recent Health Reports	See new and recently updated reports	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Recent Health Reports</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el listado de informes recientemente añadidos o actualizados del perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel) y los últimos comentarios de la discusión sobre salud. Esta última parte es igual que en el contexto "My Health".</p> <p>Los informes de salud se presentan en dos grupos: los últimos y los recientes; parece que la diferencia es si la fecha de última grabación es de más de un mes y medio o de menos.</p> <p>Cada elemento de la lista presenta el nombre del informe con un enlace a su detalle y los iconos asociados (si es un informe sólo aplicable a mujeres, sólo aplicable a hombre, recientemente añadido, recientemente actualizado, bloqueado o con una encuesta 23andme en curso), el grado de confianza (máximo para los informes no preliminares), el resultado asociado al perfil seleccionado y la fecha de última grabación; sólo los informes del grupo "los últimos" tienen iconos de nuevo o actualizado.</p> <p>En cada grupo, los informes están ordenados por fecha de última grabación en orden decreciente por defecto, aunque se puede cambiar dicho orden.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/health/new/	
Alcance desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health 2. Disease Risk 3. Carrier Status 4. Drug Response 5. Traits 	
Contextos Alcanceables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report	Cada nombre de informe	
Preliminary Health Report	Cada nombre de informe	
Disease Risk Report	Cada nombre de informe	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario de la última parte.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Preliminary Health Report</i>							
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence						
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el detalle del informe y los últimos comentarios de la discusión sobre salud con la etiqueta asociada al informe.</p> <p>Todos los estudios preliminares, independientemente de su categoría, cuentan con uno o varios estudios genéticos y tienen el mismo formato y tipos de contenidos: datos del estudio, descripción, publicaciones y lista de variaciones con su breve descripción, indicando qué perfil (Lilly o Grep Mendel) tiene qué variación.</p> <p>El informe comienza con su nombre, su grado de confianza, una breve descripción y, si hay una encuesta activa (<i>survey</i>), se incluye un cuadrado con un texto genérico y un enlace a dicha encuesta. A continuación se incluye una zona por cada estudio científico donde se encuentra la siguiente información:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Revista de publicación • Tamaño del estudio • Replicaciones • Contradicciones • Etnias aplicables • Marcador (SNP asociado) • Breve descripción del estudio científico • Lista de citas <ul style="list-style-type: none"> ○ Por cada cita se incluye sus autores con un enlace al artículo, el título y la nota bibliográfica correspondiente. • Lista de versiones <ul style="list-style-type: none"> ○ Por cada versión se incluye el genotipo, la descripción y el perfil al que corresponde (Lilly o Greg Mendel). • Filtro para ver los resultados del perfil del usuario o de todos los perfiles <ul style="list-style-type: none"> ○ Este filtro no tiene efecto en las cuentas demo <p>También se ofrece un enlace para ver el siguiente informe (aunque no coincide con el orden de la lista origen) y para obtener la información en PDF.</p>							
URL	https://www.23andme.com/you/journal/{informe_preliminar}/overview/							
Alcanzable desde	<table border="0"> <tr> <td>1. My Health</td> <td>4. Drug Response</td> </tr> <tr> <td>2. Disease Risk</td> <td>5. Traits</td> </tr> <tr> <td>3. Carrier Status</td> <td>6. Recent Health Report</td> </tr> </table>		1. My Health	4. Drug Response	2. Disease Risk	5. Traits	3. Carrier Status	6. Recent Health Report
1. My Health	4. Drug Response							
2. Disease Risk	5. Traits							
3. Carrier Status	6. Recent Health Report							
Contextos Alcanzables								
Nombre Contexto	Alias							
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health							
Sharing & Community::Post Tag	Etiqueta de un comentario de la última parte del contexto o enlace al final de la lista de comentarios.							
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.							
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.							
23andWe::Survey Form	Dentro del cuadro sobre encuestas activas si existe una encuesta asociada al informe.							

Nombre	<i>Health Report</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el detalle del informe y los últimos comentarios de la discusión sobre salud con la etiqueta asociada al informe.</p> <p>Los informes consolidados de una categoría distinta a la de riesgo de enfermedades tienen el mismo formato y tipos de contenidos distribuidos en varias pestañas, las dos primeras pestañas presentes en todos los informes de este tipo y el resto sólo en algunos informes:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Tus datos <p>Incluye una descripción, una presentación gráfica que puede tener varias imágenes y la información del estudio científico que lo avala. Esta última información incluye la lista de versiones del SNP relacionado indicando a cuál pertenece cada perfil (Lilly y Greg Mendel), un texto sobre genes versus entorno, el filtro para elegir el perfil del usuario o todos y, opcionalmente, las citas de artículos relacionados.</p> <p>También se ofrece un enlace para descargar el informe en formato PDF.</p> • Cómo funciona <p>Aquí se repite la presentación gráfica de la primera pestaña además de un largo texto explicativo. Hay una segunda zona opcional con una lista de referencias y una tercera, también opcional, con una lista de enlaces.</p> • Recursos <p>Contiene 5 posibles zonas:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Asesoramiento <p>Varios enlaces externos a la <i>National Society of Genetic Counselors</i></p> ○ Herramientas interactivas (Opcional) <p>Lista de nombres de herramientas con un enlace a sus webs</p> ○ Grupos de ayuda (Opcional) <p>Lista de grupos de ayuda con su nombre, teléfono (opcional) y web</p> ○ Clínicas y pruebas (Opcional) <p>Se divide en dos zonas: <ul style="list-style-type: none"> ▪ Fuente <i>GeneTests</i>, con varios enlaces externos a dicha web ▪ Listado de otras fuentes, con un enlace externo por cada fuente </p> ○ Descargo de responsabilidades <p>Incluida siempre y con el mismo texto.</p> • Informe técnico <p>Tiene un único elemento con la siguiente información:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Filtro para seleccionar el perfil: Lilly –por defecto- o Greg Mendel ○ Nombre del gen o genes relacionados ○ Tabla con las columnas: SNP, alias del SNP, cambio, genotipo y resultado. El último campo tiene una única fila combinando todas las existentes. ○ Amplia descripción 	

	<ul style="list-style-type: none"> ○ Lista de citas de artículos ● Cronología Lista de elementos donde por cada uno se incluye una fecha o época y un texto, ordenadas por fecha de menor a mayor. Se encabeza la lista con el número de elementos y el rango con la fecha menor y la mayor. ● Perspectiva de los médicos Entrevista con un médico que incluye la siguiente información: <ul style="list-style-type: none"> ○ Foto del médico ○ Nombre ○ Títulos del médico ○ Descargo de responsabilidades (texto fijo) ○ Título de la entrevista ○ Lista de preguntas y respuestas <p>También se ofrece un enlace para ver el siguiente informe (aunque no coincide con el orden de la lista origen).</p>
URL	https://www.23andme.com/you/journal/{infor_consol_noriesgo}/overview/
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health 2. Disease Risk 3. Carrier Status 4. Drug Response 5. Traits 6. Recent Health Report
Contextos Alcanzables	
Nombre Contexto	Alias
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health
Sharing & Community::Post Tag	Etiqueta de un comentario de la última parte del contexto o enlace al final de la lista de comentarios.
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.

Nombre	<i>Disease Risk Report</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto presenta dos partes: el detalle del informe y los últimos comentarios de la discusión sobre salud con la etiqueta asociada al informe.</p> <p>Los informes consolidados sobre riesgo de enfermedades tienen el mismo formato y tipos de contenidos distribuidos en varias pestañas, las dos primeras pestañas presentes en todos los informes de este tipo y el resto sólo en algunos informes:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Tus datos <p>Incluye una descripción, una presentación gráfica que puede tener varias imágenes y la información del estudio científico que lo avala, la cual incluye varios filtros para ver el porcentaje de riesgo medio y del perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel), etnia y rango de edad, valores de estos dos últimos que depende del informe visualizado. Además se incluye una sección sobre genes versus entorno, otra sobre qué se puede hacer, otra con los efectos de los marcadores genéticos, otra con información del gen asociado y, opcionalmente, las citas de artículos relacionados.</p> <p>También se ofrece un enlace para descargar el informe en formato PDF.</p> • Cómo funciona <p>Aquí se repite la presentación gráfica de la pestaña anterior junto a un largo texto explicativo. Hay una segunda zona opcional con una lista de referencias y una tercera, también opcional, con una lista de enlaces.</p> • Recursos <p>Contiene 5 posibles zonas:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Asesoramiento <p>Varios enlaces externos a la <i>National Society of Genetic Counselors</i></p> ○ Herramientas interactivas (Opcional) <p>Lista de nombres de herramientas con un enlace a sus webs</p> ○ Grupos de ayuda (Opcional) <p>Lista de grupos de ayuda con su nombre, teléfono (opcional) y web</p> ○ Clínicas y pruebas (Opcional) <p>Se divide en dos zonas: <ul style="list-style-type: none"> ▪ Fuente <i>GeneTests</i>, con varios enlaces externos a dicha web ▪ Listado de otras fuentes, con un enlace externo por cada fuente </p> ○ Descargo de responsabilidades <p>Incluida siempre y con el mismo texto.</p> • Informe técnico <p>Se compone de varios elementos, cada uno con la siguiente información:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Nombre del gen o región ○ Nombre del SNP ○ Tabla con las columnas “SNP usado”, “Genotipo” y “Ratio de probabilidad” (incluye el par [etnia, ratio]) y con dos filas, una para 	

	<p>cada perfil demo, Lilly y Greg Mendel. En algunos informes también se incluye la columna “Alelo”, en caso de que exista un alelo relacionado con el riesgo de enfermedad.</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Descripción ○ Lista de citas, con el mismo formato que la de los informes científicos ● Cronología <ul style="list-style-type: none"> Lista de elementos donde por cada uno se incluye una fecha o época y un texto, ordenadas por fecha de menor a mayor. Se encabeza la lista con el número de elementos y el rango entre la fecha menor y la mayor. ● Perspectiva de los médicos <ul style="list-style-type: none"> Entrevista con un médico que incluye la siguiente información: <ul style="list-style-type: none"> ○ Foto del médico ○ Nombre ○ Títulos del médico ○ Descargo de responsabilidades (texto fijo) ○ Título de la entrevista ○ Lista de preguntas y respuestas <p>También se ofrece un enlace para ver el siguiente informe (aunque no coincide con el orden de la lista origen).</p> <p>Como puede observarse, la única diferencia con el contexto “Health Report” es parte del contenido del estudio relacionado en la pestaña “Tus datos” y parte del formato del informe técnico.</p>
URL	https://www.23andme.com/you/journal/{informe_consol_riesgo}/overview/
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health 2. Disease Risk 3. Carrier Status 4. Drug Response 5. Traits 6. Recent Health Report
Contextos Alcanzables	
Nombre Contexto	Alias
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Health
Sharing & Community::Post Tag	Etiqueta de un comentario de la última parte del contexto o enlace al final de la lista de comentarios.
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.

3.4.7 Grupo "My Ancestry"

Representa los contextos de primer nivel de aplicación que siempre están visibles en el menú izquierdo bajo el encabezado "My Ancestry".

Agrupar contextos que proporcionan información genética referente a antepasados y familiares, los cuales se muestran en la Ilustración 14 y se describen a continuación con las correspondientes tablas.

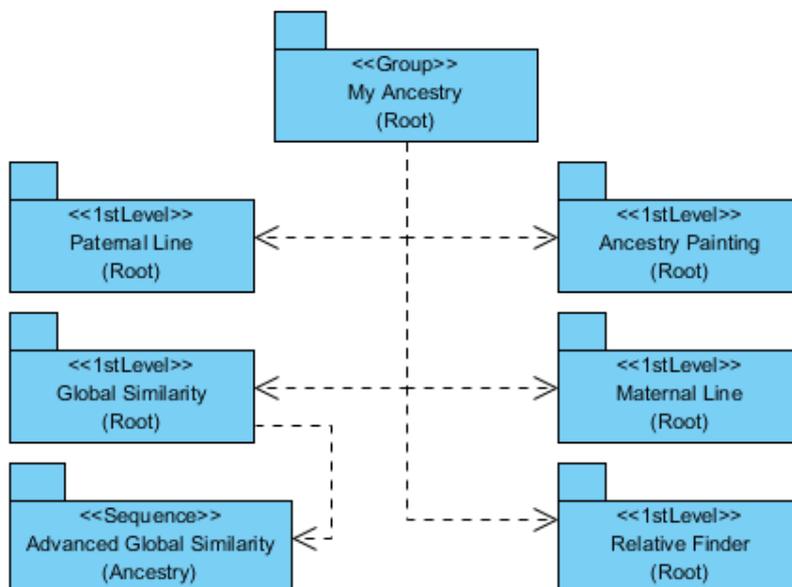


Ilustración 14. Grupo "My Ancestry"

Nombre	<i>Ancestry Painting</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto permite ver gráficamente la cantidad de material genético que una persona tiene procedente de diferentes regiones del mundo.</p> <p>Proporciona una lista desplegable para seleccionar un perfil de los asociados al usuario y muestra su información genética por cromosoma, con un código de colores de su composición por región originaria (Europa, Asia, África), así como el porcentaje de material genético sobre el total para cada región de procedencia. También presenta una lista de FAQs relacionadas con el tema "Ancestry Painting"</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/ancestry/paint/	

Nombre	<i>Maternal Line</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto permite ver textual y gráficamente el origen de un haplogrupo elegido entre los que corresponden a los perfiles asociados a la cuenta demo: familiares y amigos por una parte y personas famosas por otra. Por defecto está seleccionado el haplogrupo de Lilly Mendel.</p> <p>En la lista de haplogrupos que se pueden seleccionar, se muestra información textual sobre el haplogrupo seleccionado.</p> <p>Se incluye también una lista de los comentarios recientes con la etiqueta asociada al haplogrupo seleccionado, ofreciendo enlaces al perfil de los autores de los comentarios, al hilo de cada comentario, a la lista completa de comentarios con la misma etiqueta o a la lista completa de comentarios asociados a la discusión "Maternal Line".</p> <p>Se muestra información detallada del haplogrupo seleccionado en tres pestañas --"Map", "History" y "Haplogroup Tree", con el mapa y descripción de la presencia de personas de ese haplogrupo en el mundo, una descripción detallada sobre el haplogrupo y el árbol de haplogrupos, resaltando el seleccionado, la opción de ocultar/desplegar ramas y la opción de seleccionar una región y ver resaltados en otro color los haplogrupos relacionados.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/haplogroup/maternal/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Maternal Line	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Una etiqueta de un comentario de la última parte del contexto o el enlace a los comentarios del haplogrupo seleccionado.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Paternal Line</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto es idéntico al anterior pero con haplogrupos masculinos. La discusión y tema FAQ asociado es en este caso "Paternal Line".	
URL	https://www.23andme.com/you/haplogroup/paternal/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	View all posts in Paternal Line	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario de la última parte del contexto.	
Sharing & Community::Post Tag	Una etiqueta de un comentario de la última parte del contexto o el enlace a los comentarios del haplogrupo seleccionado.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario de la última parte del contexto.	

Nombre	<i>Relative Finder</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto es una página estática con enlace a la tienda, ya que las cuentas demo no tienen acceso a este servicio.	
URL	https://www.23andme.com/you/relfinder/	

Nombre	<i>Global Similarity</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto muestra gráficamente el porcentaje de similitud del genoma del perfil seleccionado (perfiles familia Mendel y perfiles demo no europeos) con el genoma típico de las regiones del mundo (Northern Europeans, Southern Europeans, Near Easterners, Central Asians, Northern Africans, North Americans, South Americans, Siberians, Eastern Asians, Oceanians, Eastern Africans, Southern Africans, Central Africans, Western Africans), así como una descripción de la región con mayor similitud.	
URL	https://www.23andme.com/you/globalsim/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Advanced Global Similarity	Advanced View	

Nombre	<i>Advanced Global Similarity</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto muestra un gráfico animado con las migraciones entre distintas regiones, posicionado en dicho gráfico el origen del perfil seleccionado (perfiles familia Mendel y perfiles demo no europeos). También incluye una lista de FAQs sobre el tema "Global Similarity".	
URL	https://www.23andme.com/you/globalsim/advanced/	
Alcanzable desde	My Ancestry::Global Similarity	

3.4.8 Grupo "Sharing & Community"

Representa los contextos de primer nivel de aplicación que siempre están visibles en el menú izquierdo bajo el encabezado "Sharing & Community". No tiene contexto "home".

Agrupas contextos que proporcionan herramientas para compartir información entre los usuarios de *23andme.com*, contextos que se muestran en la Ilustración 15 y se describen a continuación con las correspondientes tablas.

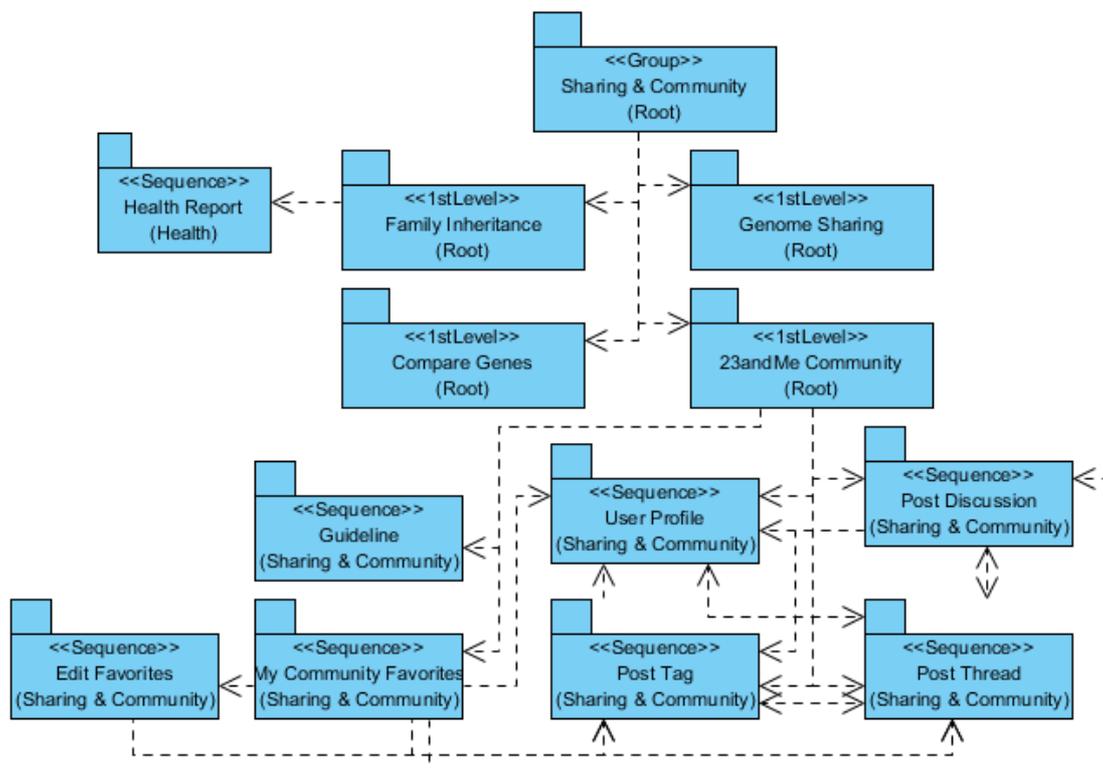


Ilustración 15. Grupo "Sharing & Community"

Nombre	<i>Compare Genes</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto contiene tres áreas: la lista de FAQs de los temas “Compare Genes: One-to-One” y “Compare Genes: One-to-Many”, la lista de características a comparar y el resultado de la comparación, el cual muestra dos vistas en las pestañas “One-to-One” y “One-to-Many”.</p> <p>En la vista “One-to-Many”, seleccionada una característica (por defecto la primera) y un perfil entre los de demostración (familia Mendel y demo no europeos), se muestra el número de SNPs involucrados en la comparación y una lista con el resto de los perfiles y el porcentaje de similitud respecto al perfil seleccionado. En la vista “One-to-One” hay que seleccionar dos perfiles entre los de demostración y se obtiene el porcentaje de similitud entre ellos, con el número de SNPs involucrados.</p> <p>Se puede cambiar la característica de comparación, pudiendo elegir entre comparar todo el genoma, los genes relacionados con una condición fenotípica elegida a partir de una lista dada o indicar el nombre de uno o varios genes.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/compare/	

Nombre	<i>Family Inheritance</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Se ofrece una lista de características para comparar y la lista de FAQs asociadas a los temas sobre “Family Inheritance”.</p> <p>En la pestaña “Genome View”, seleccionada una característica –por defecto la primera, y dos perfiles demo (familia Mendel y demo no europeos), en el gráfico que representan todos los cromosomas humanos se muestra un código de colores que representa el resultado de la comparación. En cualquier momento se puede cambiar la característica de comparación.</p> <p>La pestaña “Grand Tree” muestra un árbol de familia que permite asociar a cada nodo un perfil demo, mostrando con un código de colores la herencia genética junto a dos textos explicativos en el nodo hoja, uno por la rama paterna y otro por la rama materna. Se puede cambiar la característica de comparación.</p> <p>En la pestaña “Inheritance Calculator” se pueden seleccionar dos perfiles de entre la lista de perfiles demo, mostrándose seis características físicas (Alcohol Flush Reaction, Bitter Taste Perception, Earwax, Eye Color, Lactose Intolerance, Muscle Performance) de acuerdo al genotipo de cada perfil seleccionado; hay una tercera columna con la lista de posibles variaciones genéticas y el porcentaje de presencia de cada una en ese perfil. Cada característica tiene un enlace al detalle del informe de salud asociado.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/inheritance/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
My Health::Health Report	View Your {trait name} Report	

Nombre	<i>Genome Sharing</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática que informa que no hay información genética compartida. Un usuario demo no puede usar este servicio con otros usuarios demo, por lo que no se ha podido analizar el contenido de este contexto.	
URL	https://www.23andme.com/user/profile/sharing/	

Nombre	<i>23andme Community</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Este contexto está dividido en varias secciones: discusiones, contribuidores más activos y administrador, etiquetas más populares, comentarios más populares, enlaces sobre la comunidad 23andme y las etiquetas o comentarios incluidos en “mis favoritos”. También ofrece una caja para introducir un criterio de búsqueda y buscar en los comentarios de la comunidad 23andme, obteniendo los resultados en el contexto “Root::Search” con “Community Posts” como zona a buscar preseleccionada.	
URL	https://www.23andme.com/you/community/	

Contextos Alcanzables	
Nombre Contexto	Alias
Help::FAQ	See our FAQ on Community
Sharing & Community::Guidelines	Read our Community Guidelines
Sharing & Community::Post Discussion	Cada nombre en la sección sobre discusiones, tema entre paréntesis de la lista de etiquetas más populares y el enlace Looking for 23andMe Labs Discussions?
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario. También enlaces bajo cada tema de discusión en la sección de discusiones.
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario o de la lista de etiquetas más populares.
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario.
Sharing & Community::My Community Favorites	View posts in my favorites »

Nombre	<i>Guidelines</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática que incluye la lista de FAQs del tema "Community".	
URL	https://www.23andme.com/you/community/guidelines/	
Alcanzable desde	1. Sharing & Community::23andme Community	

Nombre	<i>My Community Favorites</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página que incluye la lista de comentarios que el usuario ha seleccionado como favoritos. Permite editarlos.	
URL	https://www.23andme.com/you/community/favorites/	
Alcanzable desde	1. Sharing & Community::23andme Community	

Contextos Alcanzables

Nombre Contexto	Alias
Sharing & Community::Post Discussion	Cada nombre en la sección sobre discusiones, tema entre paréntesis de la lista de etiquetas más populares y el enlace Looking for 23andMe Labs Discussions?
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario. También los enlaces bajo cada tema de discusión en la sección de discusiones.
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario o de la lista de etiquetas más populares.
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario.
Sharing & Community::Edit Favorites	

Nombre	<i>Edit Favorites</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página que incluye la lista de comentarios (sólo tema) y etiquetas (sólo nombre) que el usuario ha seleccionado como favoritos, pudiendo eliminar cada uno de ellos. Además ofrece una caja de texto para introducir un criterio de búsqueda y obtener resultados mediante el contexto "Root::Search".	
URL	https://www.23andme.com/user/favorites/	
Alcanzable desde	1. Sharing & Community::My Community Favorites	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario. También los enlaces bajo cada tema de discusión en la sección de discusiones.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario o de la lista de etiquetas más populares.	

Nombre	<i>Post Discussion</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Lista paginada de los comentarios dentro de la discusión seleccionada en el contexto origen.</p> <p>Muestra las fotografías de los 6 perfiles de los últimos comentarios y una lista con las discusiones relacionadas, ofreciendo enlaces hacia ellas.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/community/{discussion name}/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health::Health 2. My Health::Disease Risk 3. My Health::Carrier Status 4. My Health::Traits 5. My Health::Drug Response 6. My Health::Recent Health Reports 7. My Health::Health Report 8. Root:: Ancestry Labs 9. Root: Health Labs 10. Sharing & Community::23andme Community 11. Sharing & Community::My Community Favorites 12. Sharing & Community::Post Discussion 13. 23andWe::Initiative 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	Nombre de discusión en el listado de discusiones relacionadas o de un comentario.	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de comentario.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario asociado a un comentario o en la lista de usuarios de actividad reciente.	

Nombre	<i>Post Tag</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Lista paginada de los comentarios correspondientes a la etiqueta seleccionada en el contexto origen.</p> <p>Muestra las fotografías de los 6 perfiles de los últimos comentarios y una lista con las discusiones relacionadas, ofreciendo enlaces hacia ellas.</p> <p>También ofrece un enlace para añadir la etiqueta a la lista de favoritos y una pequeña lista con los comentarios recientes con esta etiqueta.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/community/tag/{tag name}/	
Alcance desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health::Health 2. My Health::Disease Risk 3. My Health::Carrier Status 4. My Health::Traits 5. My Health::Drug Response 6. My Health::Recent Health Reports 7. My Health::Health Report 8. Root:: Ancestry Labs 9. Root: Health Labs 10. Sharing & Community::23andme Community 11. Sharing & Community::Edit Favorites 12. Sharing & Community::Post Discussion 13. Sharing & Community::Post Thread 14. Sharing & Community::Post Tag 15. Sharing & Community::User Profile 16. 23andWe:: Pregnancy Related Reports 	
Contextos Alcanceables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	Nombre de discusión en el listado de discusiones relacionadas o de un comentario.	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o número de respuestas de un comentario.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario de un comentario o en la lista de usuarios de actividad reciente.	

Nombre	<i>Post Thread</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Incluye un comentario y todas las respuestas recibidas por orden de incorporación. Muestra las fotografías de los 6 perfiles de los últimos comentarios y una lista con las discusiones relacionadas, ofreciendo enlaces hacia ellas. También ofrece un enlace para añadir el hilo a la lista de favoritos.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/community/thread/{thread num}/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health::Health 2. My Health::Disease Risk 3. My Health::Carrier Status 4. My Health::Traits 5. My Health::Drug Response 6. My Health::Recent Health Reports 7. My Health::Health Report 8. Sharing & Community::23andme Community 9. Sharing & Community::Edit Favorites 10. Sharing & Community::My Community 11. Sharing & Community::Post Discussion 12. Sharing & Community::Post Tag 13. Sharing & Community::User Profile 14. 23andWe::Initiative 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community::Post Discussion	Nombre de discusión en el listado de discusiones relacionadas o de un comentario.	
Sharing & Community::Post Thread	Cada tema o nº de respuestas de un comentario.	
Sharing & Community::Post Tag	Cada etiqueta de un comentario.	
Sharing & Community::User Profile	Cada foto o nombre de usuario de un comentario o en la lista de usuarios de actividad reciente.	

Nombre	<i>User Profile</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Incluye la información pública del usuario seleccionado en el contexto origen, incluyendo una lista de los hilos en los que ha participado recientemente.	
URL	https://www.23andme.com/you/community/thread/{thread_num}/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. My Health::Health 2. My Health::Disease Risk 3. My Health::Carrier Status 4. My Health::Traits 5. My Health::Drug Response 6. My Health::Recent Health Reports 7. My Health::Health Report 8. Root:: Ancestry Labs 9. Root: Health Labs 10. Sharing & Community::23andme Community 15. Sharing & Community::Post Discussion 16. Sharing & Community::Post Tag 17. Sharing & Community::Post Thread 11. 23andWe::Initiative 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sharing & Community:: Post Thread	Tema en el listado de actividad reciente.	

3.4.9 Grupo “23andWe”

Representa los contextos de primer nivel de aplicación que siempre están visibles en el menú izquierdo bajo el encabezado “Sharing & Community”. No tiene contexto “home”.

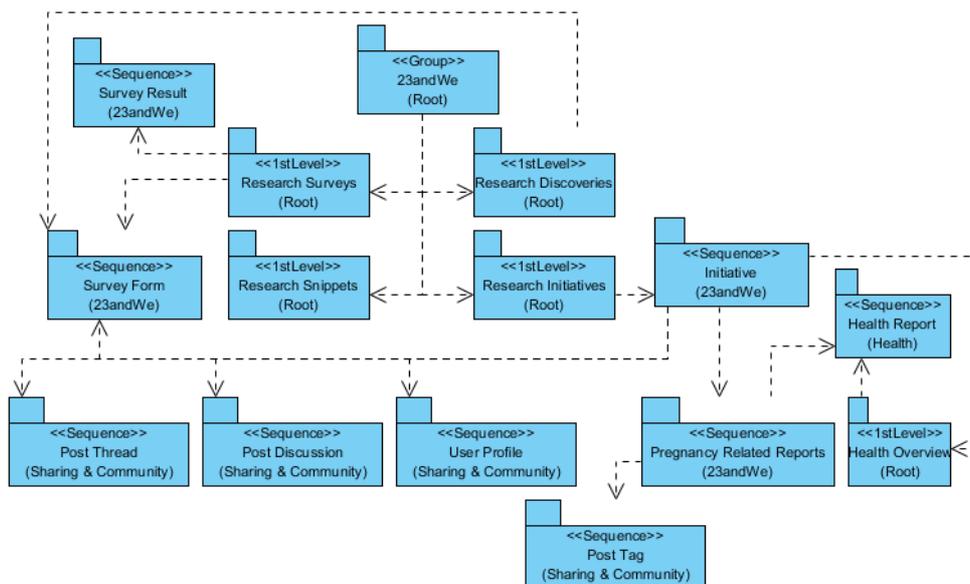


Ilustración 16. Grupo "23andWe"

La Ilustración 16 muestra esta agrupación de contextos relacionados con la investigación que desarrolla *23andme.com*, contextos que se muestran se describen a continuación.

Nombre	<i>Research Surveys</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Ofrece una lista con las encuestas disponibles. Por cada una ofrece su nombre, la fecha de publicación, una descripción en una ventana emergente y un botón para iniciar la encuesta, continuarla (si está empezada sin finalizar) o ver los resultados (si está finalizada).</p> <p>Por defecto se muestran las encuestas principales, resaltando una de ellas con un texto explicativo. También se puede acceder al listado de todas las encuestas y, desde este listado, filtrar sólo las nuevas, sólo las completas o sólo las incompletas o eliminar el filtro.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/surveys/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
23andWe:: Survey Form	"Start survey" o "Resume Survey"	
23andWe:: Survey Result	"See results"	

Nombre	<i>Survey Result</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Ofrece los resultados para la encuesta seleccionada en el contexto origen, marcando la respuesta seleccionada por el usuario conectado en cada pregunta así como el porcentaje de usuarios que han seleccionado cada respuesta</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/surveys/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. Research Surveys 2. Research Discoveries 3. Discovery Info 	

Nombre	<i>Survey Form</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Ofrece un formulario para la encuesta seleccionada en el contexto origen, marcando las respuestas ya seleccionadas por el usuario si ya inició la encuesta anteriormente.	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/surveys/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. Research Surveys 2. Research Discoveries 3. Discovery Info 	

Nombre	<i>Research Snippets</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Muestra una lista de preguntas de investigación. Por defecto muestra las preguntas nuevas destacadas, pero se puede aplicar un filtro para mostrar todas las nuevas o sólo las ya respondidas por el usuario.</p> <p>Hay un botón que, en caso de ser una pregunta ya contestada por el usuario, pone el resultado en el área superior de la página (porcentaje de respuestas por opción y opción seleccionada por el usuario) y, en caso de no haber sido aún contestada por el usuario, en dicha área se muestran las opciones de respuesta para que el usuario seleccione una.</p> <p>También permite enviar una pregunta al equipo de investigación mediante un área de texto que aparece en una ventana emergente al pulsar sobre Suggest your question topic to our research team.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/questions/	

Nombre	<i>Research Initiatives</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Ofrece un PDF y una presentación sobre este tema, así como una lista con las comunidades relacionadas.	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/research/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
23andWe:: Initiative	Pregnancy , Parkinson's Disease , Longevity	

Nombre	<i>Initiative</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Este contexto está asociado a una iniciativa concreta (Pregnancy, Parkinson's Disease, Longevity) y tiene varias áreas:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Encuestas: con un formulario permite participar en la encuesta asociada o bien ofrece una lista de encuestas relacionadas donde participar 2. Gente: muestra dos listas de fotos de miembros: los que han participado recientemente y los fundadores 3. Comunidad: lista los comentarios más recientes de la discusión asociada y ofrece un enlace para ver todos los comentarios de dicha discusión. 4. Salud y características: ofrece un enlace a la tienda para contratar el servicio y un enlace para ver la lista de informes: va al contexto "My Health" excepto en "Pregnancy", que va a un nuevo contexto "Pregnancy Related Reports". 	
URL	https://www.23andme.com/you/{initiative_name}/	
Alcanzable desde	1. 23andWe::Research initiatives	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Root::Store	Upgrade my account	
Sharing & Community::Post Discussion	See what people are saying	
Sharing & Community::Post Thread	Sobre un "recent post"	
Sharing & Community::User Profile	Sobre la fotografía de un usuario	
23andWe::Survey Form	Start Survey	
My Health::Health	View all Health & Traits (199) » (iniciativa no "Pregnancy")	
23andWe::Pregnancy Related Reports	View all Pregnancy-Related Health & Traits» ("Pregnancy")	

Nombre	<i>Pregnancy Related Reports</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Lista de informes sobre el perfil seleccionado (Lilly o Greg Mendel) agrupados en dos: "Carrier Status" y "Preliminary Research Reports". Cada entrada de la lista tiene tres columnas: estado en el perfil seleccionado, nombre del informe y el número de comentarios con la etiqueta asociada. El nombre del informe presenta un enlace al detalle del informe y el del número de comentarios a la lista de comentarios con la misma etiqueta. También ofrece un enlace para dar de alta un nuevo comentario (el enlace a este servicio está roto).</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/pregnancy/health/	
Alcanzable desde	1. 23andWe:: initiative (Pregnancy)	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
My Health::Health	View all Health & Traits Articles (199) »	
My Health::Health Report	Nombre de un informe	
Sharing & Community::Post Tag	posts (n) Lleva a la etiqueta asociada con el informe	

Nombre	<i>Research Discoveries</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto con la lista de contribuciones de 23andme, ofreciendo un enlace a la descripción de cada contribución, la cual incluye otro enlace que dirige a la encuesta asociada y una lista de citas de publicaciones.</p>	
URL	https://www.23andme.com/you/23andwe/discoveries/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
23andWe::Discovery Info	Nombre de la contribución	

3.5 Cuestiones sobre la expresividad del modelo

Tras identificar todos los contextos de interacción descritos en los apartados anteriores, se procedió a intentar modelar cada uno de ellos mediante UAIs y PAIs. Esta tarea reveló problemas en la expresividad del Modelo de Interacción Abstracta de OOWS 2.0 que impidieron llevar a cabo satisfactoriamente esta tarea de modelado. A continuación se describen los problemas de expresividad encontrados, clasificados en base a las primitivas conceptuales afectadas.

3.5.1 Mapas de Interacción

Durante el modelado de los Mapas de Interacción se han detectado dos carencias en la expresividad del modelo:

1. En la zona demo (<https://www.23andme.com/you/>), el menú principal se dispone agrupando las opciones por secciones: salud, ancestros, comunidad e investigación en el lateral izquierdo, y cuenta y ayuda en el lateral superior. Estas agrupaciones no corresponden con la semántica de los CI de tipo subsistema, ya que todas las opciones de menú están siempre visibles, es decir, todas se corresponden con CI de primer nivel de aplicación. Sin embargo, un Mapa de Interacción incluyendo todos estos CI de primer nivel tiene demasiados elementos para ser comprensible y gestionable. Por ello, es necesario incluir un nuevo elemento, sin implicación semántica, que permita simplificar los mapas de interacción, agrupando varios CI de primer nivel de acuerdo a cierto criterio. De esta manera, se sigue proporcionando una visión general de todos los contextos globales en un mismo mapa y los CI agrupados se pueden detallar en un mapa aparte, como sucede con los CI de un subsistema.
2. Es necesario distinguir entre dos tipos de CI de primer nivel: los de aplicación y los de subsistema. Ello es debido a que se ha dado el caso en que un CI de primer nivel dentro de un subsistema es un CI de secuencia en otra zona de la aplicación, fuera de dicho subsistema. Este es el caso del CI “Health Reports” en el mapa de interacción del usuario Anónimo, fuera y dentro del subsistema “Health”.

3.5.2 Unidades de interacción abstracta y patrones auxiliares

1. El caso de la cumplimentación de las encuestas de 23andme.com (CI “Survey Form”) es difícilmente modelable con los patrones estándar de OOWS 2.0. Una encuesta está compuesta por varias preguntas, que a su vez están compuestas de varias posibles respuestas. Cada usuario puede seleccionar una respuesta de las disponibles a cada pregunta, pudiendo grabar parcialmente las respuestas dadas a una encuesta y completarla en otra sesión. Todo ello está modelado y almacenado en el Sistema de Información.

En este contexto nos encontramos con dos limitaciones del modelo definido en OOWS 2.0 para las UIAS:

- a. no permite combinar la selección enumerada mediante una lista dinámica con filtros que restrinjan los valores de la lista dinámica. Esto permitiría definir las posibles respuestas a cada pregunta de una encuesta.
 - b. no se puede generar una UIAS cuyo número de parámetros tenga que determinarse en tiempo de ejecución a partir de la información del modelo, como sucede con las opciones de las preguntas una encuesta.
2. El CI “Browse Raw Data” tiene una UIAS que permite descargar un fichero generado al vuelo con la información genética seleccionada, pero la especificación de los argumentos de salida de una UIAS no es adecuada para describir dicha descarga, ya que no se puede indicar que se trata de una descarga, no de una visualización online, ni se puede indicar el formato del fichero a descargar (el *mime-type*).
 3. El CI “Research Surveys” muestra todas las encuestas creadas por *23andme.com*, lo cual es fácilmente representable por una UIAP. Sin embargo, junto a cada encuesta hay un enlace bien para empezarla, bien para continuarla o bien para ver los resultados de la misma, dependiendo de la cantidad de respuestas que el usuario haya dado previamente a esa encuesta: aún no ha respondido a ninguna pregunta de la encuesta, ya ha respondido a todas o le falta alguna por responder. Esto supone una navegación condicionada al estado de cada encuesta, lo cual no está contemplado por OOWS 2.0.
 4. Nada más entrar en el CI “Research Snippets”, se muestra el formulario para responder la pregunta de investigación destacada y una lista con otras preguntas que el usuario ha respondido previamente. Si se pulsa en una de las preguntas ya contestada por el usuario, en el lugar del formulario se muestra el resultado de la respuesta del usuario en relación a todas las respuestas recibidas. En el modelo OOWS 2.0, las UIA que se modelan dentro de un CI son fijas, no pudiéndose especificar ninguna condición que active o desactive cada unidad –una en modo escritura (formulario) y otra en modo lectura (visor de resultado) según el estado de la pregunta seleccionada.
 5. Muchos de los CI a los que puede acceder un usuario registrado hacen referencia a la información relativa a su perfil personal o genético. Así, cuando dicho usuario accede al CI de primer nivel de aplicación “Browse Raw Data”, su UIAP sólo debe presentar información relativa a su perfil. Sin embargo, para que esto suceda debe aplicarse algún tipo de filtro que seleccione automáticamente la información correspondiente al usuario. Las posibilidades que ofrece OOWS 2.0 no se adaptan a esta situación:
 - a. El PAI “filtro” sólo se activa por acción del usuario, por lo que no se puede aplicar en esta situación.

- b. Como “Browse Raw Data” es un CI de primer nivel de aplicación, éste no tiene porqué compartir ningún objeto con el CI anterior en la navegación, por lo que los PAI de navegación por objeto o relacional no son aplicables.
 - c. El PAI de navegación por servicio no es aplicable a una UAIP.
 - d. El PAI de filtro navegacional tampoco es aplicable, ya que se han descartado los otros tres PAI de navegación en los dos puntos anteriores.
 - e. Como este problema trata sobre la recuperación de datos filtrada automáticamente, no podemos encontrar la solución en elementos de presentación como son los *widgets* o los eventos.
6. En el CI “Research Snippets” nos encontramos con una UIAS que representa el formulario para responder a una pregunta destacada. Este CI es de primer nivel de aplicación, por lo que se necesita algún elemento del modelo que permita seleccionar automáticamente la pregunta destacada, sin intervención del usuario, ya que, como en el caso anterior, no se puede aplicar ninguno de los elementos de los modelos de OOWS 2.0.
7. El PAI “filtro” sólo se activa por acción del usuario. Por defecto está sin activar, por lo que se muestra toda la información disponible. Esto no refleja fielmente la realidad, donde a veces no se muestra ninguna información hasta que el usuario active el filtro, o bien nos encontramos activado el filtro por defecto con uno de sus valores, pudiendo luego el usuario desactivar o cambiar el valor del filtro. Este es el caso del filtro “Select Person” del CI “Ancestry Painting”, que por defecto está activado con el valor “Lilly Mendel (Mom)”. La notación y comportamiento del PAI “filtro” debería ajustarse a esta realidad.
8. El PAI de selección enumerada puede ser una lista estática o dinámica. En este último caso se debería poder indicar la posibilidad de que el usuario no elija ningún valor de los obtenidos del Sistema de Información para crear la lista, es decir, que el campo asociado a la lista sea opcional.
9. El PAI de selección enumerada se aplica a los argumentos de una UIAS, pero este concepto se aplica también en la realidad a los filtros de información con fórmulas abiertas. Por una parte, es normal tener listas estáticas no incluidas en el Sistema de Información (p.e. del tipo si/no), que acoten los posibles valores a seleccionar por un usuario en un filtro; por otra parte, también es normal que el filtro presente un texto al usuario (alias) y filtre la información mediante otro dato asociado (p.e., listar municipios asociados a una provincia seleccionada). Este es el caso del filtro “Select Person” del CI “Ancestry Painting”.

3.6 Conclusiones

El trabajo de modelado inverso realizado ha servido, por un lado, para validar el modelo de interacción de OOWS 2.0 contra un portal web comercial, no académico y de alta complejidad, como lo son los de genómica personalizada, y por otro lado, conocer en detalle dicho portal, que en este caso ha sido *23andme.com*.

3.6.1 Valoración general de OOWS 2.0

La valoración del modelo de interacción tiene dos partes: una objetiva respecto a los problemas de expresividad detectados en el Modelo de Interacción, y otra subjetiva respecto al uso del método OOWS 2.0.

El mapa de usuarios no ha presentado ningún problema. Los problemas de expresividad detectados respecto al Mapa de Interacción son fácilmente solucionables. Sin embargo, los problemas de expresividad de las UAI y los PAI han sido determinantes para no poder modelar los contextos identificados en el mapa y finalizar el modelado del portal. De 46 contextos identificados en el Mapa de Interacción del usuario “demo”, sólo el 27% están soportados por el método OOWS 2.0 porque se tratan de contextos estáticos, ya que el resto no pueden modelarse adecuadamente debido a alguna de las carencias descritas anteriormente –normalmente a varias de ellas a la vez. Las carencias que se observaron en un mayor porcentaje de contextos (alrededor del 60%) fueron las asociadas a la semántica de los filtros. Debido a todo lo anteriormente expuesto, se puede concluir que el Modelo de Interacción no es utilizable para crear un portal web de genómica personal, de acuerdo a los principios del desarrollo dirigido por modelos.

Hay otras valoraciones subjetivas extraídas del análisis realizado que se comentan a continuación.

El esfuerzo de aprendizaje ha sido complicado, principalmente debido a la falta de tutoriales y ejemplos ilustrativos completos. Ha sido el sistema de UAI y PAI lo más difícil de aprender, y en particular, el distinguir la diferencia entre patrones de interacción abstracta y patrones de presentación tradicionales.

El principal problema para realizar el trabajo de modelado ha sido la carencia de una herramienta que lo soporte. Se ha utilizado una herramienta de modelado UML, pero se han tenido que utilizar “trucos” para poder representar todos los elementos del Modelo de Interacción, lo cual no es lo deseable.

Han sido particularmente útiles el Diagrama de Usuarios y el Mapa de Interacción para comprender el diseño del portal web y la filosofía que subyace, permitiendo detectar errores de estructura y de navegación. Sin embargo, es necesario un mecanismo de agrupación de contextos para que los Mapas de Interacción sean realmente legibles.

Por otra parte, es difícil representar el mapa de navegación de un portal web mediante los mapas de interacción de OOWS 2.0, ya que no se corresponden directamente. La

navegación se plantea en este método como un paso de objetos; esto es natural en un sistema de mantenimiento de datos, pero no es fácil de comprender en un portal web, donde el paso de una página a otra se basa en el paso de parámetros. Podría argumentarse que los parámetros de una petición HTTP están encapsulados en un objeto del tipo *Request*; sin embargo, en ese caso los parámetros no corresponden a atributos estructurales de una clase del modelo de objetos. Un objeto *Request* contiene los parámetros de petición en un atributo multivaluado de duplas [nombre, valor]; este objeto no representa información del dominio del problema, sino del dominio de la solución. Por lo tanto, la utilización de un objeto *Request* no corresponde con el concepto “paso de objeto” de los métodos dirigidos por modelos para el desarrollo de aplicaciones de gestión de datos.

El sistema de gestión de acceso está modelado a nivel de CI, aunque en la mayoría de los sistemas de creación de portales web (como son los WCMS), los permisos de acceso están a nivel de contenido, lo que parece más ajustado a la realidad.

Ha sido muy determinante para la no viabilidad del modelo la carencia de elementos de personalización, que proporcionen vistas del Sistema de Información adaptadas al usuario conectado. Como se comentó en el apartado 3.5.2, estos contenidos que no son soportados por el modelo debido a la falta de filtros automáticos.

Resulta extraño que el cada UAI de Servicio esté asociado a un objeto, ya que en web puede haber formularios que afecten a varios. Esto enlaza con el problema detectado sobre la falta de expresividad para las encuestas de 23andme, donde la complejidad de los formularios supera la definición de este elemento del modelo y sus primitivas conceptuales.

Por otra parte, la definición de las UAI de cada CI es un trabajo complicado y laborioso, lo que va en contra de la necesidad de obtener un prototipo rápido, esencial para poder depurar la especificación de requisitos, lo cual es necesario para la aceptación final del producto.

En general, parece un método que no potencia la reusabilidad de los componentes que se incluyen en el modelado. Por ejemplo, no se pueden reutilizar UAIPs entre varios contextos con pequeñas diferencias, o mostrar UAIs de forma condicional o realizar navegaciones condicionales.

Finalmente, tampoco parece un método ágil para soportar modificaciones parciales del portal, lo cual es bastante habitual en los webs comerciales; estas modificaciones además suelen necesitar la intervención de expertos del dominio que no son conocedores de las tecnologías de desarrollo web. Por ejemplo, si un experto del dominio decidiera que hay que crear un nuevo contexto de primer nivel de aplicación para incluir un texto describiendo las líneas de investigación de la empresa, tendría que ponerse en contacto con el equipo de desarrollo para que se modificara el mapa de navegación, se creara un nuevo contexto y se modelara para que incluyera un determinado texto almacenado en uno de los objetos del Sistema de Información; una

vez hecho esto, se generaría de nuevo la aplicación web y se desplegaría la nueva versión. Esto contrasta con la flexibilidad que ofrecen los WCMS, que podrían incluso tener diseñada la aplicación de modo que el experto diera de alta el nuevo contexto mencionado sin ayuda de ningún técnico.

3.6.2 Características particulares de 23andme.com

Tras el análisis realizado, se pueden extraer las siguientes conclusiones del portal *23andme.com*, estructuradas en tres secciones: usuarios, interacción y contenidos.

3.6.2.1 Usuarios

Hay tres tipos de usuarios. Los usuarios anónimos acceden a la parte pública del portal y los registrados a la parte privada, distinguiendo entre usuarios que acceden en modo demo y los que previamente han comprado el servicio de análisis genómico. Los usuarios en modo demo verán los datos genéticos de una familia ficticia, los Mendel, y podrán acceder a casi todos los contextos de interacción usando dichos datos.

3.6.2.2 Interacción

En la Tabla 2 se puede observar el resumen cuantitativo de los elementos de los mapas de interacción de los tipos de usuario analizados. El total de CIs corresponde a la suma del número de CIs por cada tipo más el CI de tipo “Home”. El tipo de contextos “2º nivel” corresponde a los contextos de “home” y “1st Level” de un subsistema.

Tabla 2. Resumen de elementos del modelo de interacción de 23andme

Mapa de Usuario	Contextos de Interacción					UAIP	UAIS
	Total	1er nivel	Subsistema	2º nivel	Secuencia		
Anónimo	55	12	3	20	19	0	5
Demo	46	29	0	0	16	121	10

El análisis realizado para definir el Mapa de Interacción del usuario anónimo ha identificado varias inconsistencias y un elevado porcentaje de contextos de secuencia. La navegación por esta zona no informa sobre la posición navegacional, una de las buenas prácticas de diseño de un portal que indica al usuario del camino que le ha llevado a la página en donde se encuentra. No posee ninguna UIAP porque es una zona de información estática. Las UAIS corresponden a los servicios de contratación de productos.

En el caso del usuario demo, su mapa de interacción está mejor estructurado. No tiene tampoco posición navegacional, pero posee un porcentaje menor de contextos de secuencia, que son los que requieren de este elemento. Tampoco tiene subsistemas y su número de contextos de primer nivel es casi el doble que el de secuencia; esto implica

poca profundidad de navegación, lo que facilita al usuario la accesibilidad a todos los contextos. Tiene un número muy elevado de UIAPs, con una media de tres por contexto, lo que revela que es un sistema muy interactivo. Las UAIS están relacionadas con el mantenimiento de datos de usuario, la descarga de datos genéticos, la participación en foros y la cumplimentación de encuestas.

3.6.2.3 Contenidos

1. La zona anónima es exclusivamente divulgativa sobre el funcionamiento del portal. Son contenidos estáticos cuyo objetivo es provocar la curiosidad de los navegantes, explicarles el funcionamiento del producto y facilitarles su contratación.
2. La zona demo, que simula la interacción real del sistema con sus clientes. Esta zona dispone de varios tipos de contenidos:

- a. Información primordialmente gráfica sobre los resultados del análisis del perfil genético del usuario, como es el caso de los contextos “Family Inheritance”, “Compare Genes” o los del subsistema “My Ancestry”.

El objetivo de la presentación de esta información es comunicar al usuario el significado de los resultados de la forma más directa y sencilla, eludiendo la necesidad de tener conocimientos previos sobre genética.

- b. Contenidos explicativos sobre condiciones fenotípicas del genotipo del usuario, es decir, las consecuencias de sus particularidades genéticas.

Cada condición, ya sea riesgo de enfermedad, estado como portador, respuesta a drogas o condiciones físicas, tiene varios posibles perfiles genéticos, cada uno con un fenotipo diferente. Estos perfiles son clasificaciones de acuerdo a características demográficas (etnia, género y edad) y variaciones del ADN respecto a uno o varios SNPs. Para cada una de las condiciones se ofrece prácticamente la misma información textual y gráfica para todos los perfiles genéticos, pero una pequeña parte es dependiente de cada uno para indicar, por ejemplo, la probabilidad de que se exprese el fenotipo asociado.

Esta información es estática para cada condición y perfil genético, pero debe ser muy fácilmente actualizable por los expertos de ese dominio ya que es información científica que cambia con cierta facilidad, según los resultados de las múltiples investigaciones científicas sobre genómica que se están llevando a cabo en la actualidad.

- c. Presentación de datos específicos sobre el perfil del usuario.

Es el caso de los contextos del grupo “Account”. Se accede al perfil específico del usuario, permitiendo la modificación de los datos no relacionados con su ADN. Estos últimos sólo están accesibles para su visualización y descarga.

d. Foros.

En esta categoría se encuentran los contextos relacionados con “23andme Community”. Supone una introducción simple de textos –los comentarios, relacionados con ciertos tópicos y con el usuario como autor de ellos, así como la visualización de los textos introducidos por otros usuarios.

e. Encuestas.

Son todos los contextos del subsistema “23andWe”. Supone introducción de datos compleja, a partir de preguntas asociadas a encuestas, respuestas asociadas a cada pregunta y respuestas seleccionadas por los distintos usuarios. Las respuestas dadas por un usuario pasan a formar parte de la información disponible sobre dicho usuario.

4

Modelos basados en OOWS para portales basados en WCMS

Gracias al trabajo de análisis realizado, se ha observado que en los portales de genómica personalizada hay dos tipos de información:

1. Una gran cantidad de información no estructurada (textos, imágenes, vídeos) sobre perfiles genéticos y genética en general, es decir, el modelo de contenidos del portal. Esta información, por la naturaleza cambiante del dominio genético, debe ser introducida y mantenida frecuentemente por expertos del dominio, quienes no están familiarizados con la tecnología web; los WCMS han demostrado ser de gran utilidad para estos expertos.

Sin embargo, los desarrolladores de portales sobre plataformas WCMS no suelen utilizar en la práctica ningún tipo de modelo, ni siquiera de base de datos, lo cual complica la validación del desarrollo en las primeras fases de su ciclo de vida, tan importantes para reducir los costes de resolución de errores y para gestionar la mantenibilidad de la estructura del portal.

2. Información del portal que se genera a partir del modelo conceptual del genoma humano, es decir, la base del modelo de negocio del dominio genómico. En el caso de 23andme estaríamos hablando de los cromosomas, los genes y SNPs de cada cromosoma, qué variaciones de SNPs están asociadas a qué fenotipos, cuáles son los nucleótidos de referencia para detectar dichas variaciones y cuáles son los datos epidemiológicos de las variaciones que afectan a los fenotipos.

En este segundo tipo de información, el modelo conceptual debe dirigir la implementación de las aplicaciones que explotan sus datos. Esto es esencial para conseguir la alta calidad requerida en este tipo de herramientas, donde un error en la detección de alteraciones genéticas podría tener consecuencias

negativas, tanto en la percepción que los usuarios adquieren de la herramienta (al decir, por ejemplo, que la persona tiene los ojos marrones cuando los tiene azules) como en la preocupación que pueda inducir la información proporcionada (decir que es propenso al cáncer de colon cuando en su genoma no hay indicios reales de eso). Por ello, los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos son los más adecuados.

En este capítulo se plantea la viabilidad de una nueva aproximación que aproveche la sinergia entre los WCMS y la Ingeniería Web dirigida por modelos, para poder combinar las ventajas complementarias de cada una y reducir así sus inconvenientes.

Por una parte, el modelo de la aplicación web a generar no necesitaría incorporar las funcionalidades incluidas en un WCMS, como la mantenibilidad de los contenidos realizada por usuarios no técnicos, la definición y aplicación de políticas de acceso, el versionado y la gestión de la publicación de contenidos, entre otros. Por otra parte, la creación de un portal web mediante una plataforma WCMS se dirigiría por un modelo que se apoyaría en los conceptos del estándar CMIS y del método OOWS 2.0. Asimismo, la funcionalidad a ofrecer sobre datos genómicos se reduciría a la creación de una serie de servicios que serían integrados en el portal, creación también dirigida por modelos; la utilización de estos servicios de integración permitiría la separación de la lógica de negocio, gestionada por la aplicación modelada mediante el método de Ingeniería Web, y los aspectos de presentación y control de accesos, gestionados por el WCMS.

Con esta aproximación se conseguirían significativos beneficios, ya que el modelado permitiría una validación temprana de todo el portal sin tener que modelar la funcionalidad propia de los WCMS. La estrategia de separar el dominio del problema del dominio de la solución en el ámbito de los WCMS, permite la comunicación con expertos en el dominio de los portales web, por una parte, y en el dominio genético, por otra.

Asimismo, el desarrollo dirigido por modelos permite aislar los problemas de implantación dependientes de la tecnología específica de una plataforma WCMS y centrarse en la creación del nuevo portal. Aunque el mismo uso de modelos para diseñar la solución ya proporcionaría significativas ventajas, además podría plantearse la generación automática de código. La traducción automática de modelos en código permitiría minimizar los esfuerzos de desarrollo para implantar el portal, dejando sólo el trabajo para la configuración y parametrización del WCMS, así como para la inclusión de contenidos. Esto supone una reducción drástica de los costes de desarrollo y de los tiempos de puesta en marcha, elevando paralelamente la calidad del producto resultante y su mantenibilidad.

El objetivo del presente capítulo no es hacer una definición completa y formal de un nuevo método, sino el de mostrar la viabilidad y ventajas de la sinergia comentada entre los gestores de contenidos web y la Ingeniería web dirigida por modelos. Para ello se proponen un conjunto de etapas para producir modelos independientes de plataforma que describan un portal web creado sobre un WCMS, que partirían de una especificación de requisitos obtenida por métodos propios de la Ingeniería de

Requisitos. Para una mejor exposición de las ideas, los contenidos del capítulo se apoyarán en ejemplos creados sobre un nuevo portal de genómica personal, gembiosoft.com, cuyo propósito es vender servicios de ayuda al diagnóstico genético.

4.1 Ejemplo ilustrativo: gembiosoft.com

Dentro del dominio de la genómica personalizada, gembiosoft.com nace para proporcionar un servicio de ayuda al diagnóstico genético. La funcionalidad de este portal ha sido implementada mediante un desarrollo dirigido por modelos, a partir de la definición del Esquema Conceptual del Genoma Humano (CSHG –*Conceptual Schema of the Human Genome*), dando lugar a la herramienta *Diagen*.

El CSHG es el punto de partida para obtener un Sistema de Información de alta calidad en el dominio de la genómica, donde se describen los conceptos genómicos, sus características e interrelaciones (Pastor, 2008). Este modelo conceptual proporciona una base fiable para comprender, sin ambigüedad, cuáles son los conceptos biológicos exactos que representan el actual estado de conocimiento existente sobre el genoma humano, y está preparado para asumir la evolución de conceptos que es tan frecuente en este dominio.

Diagen (Villanueva, et al., 2011) es la prueba de concepto de los beneficios que proporciona utilizar una visión unificada del dominio del problema basada en el CSHG. Se apoya en un almacén de datos genómicos, la Base de Datos del Genoma Humano (*Human Genome Database –HGDB*), implementado a partir del CSHG. El propósito de la HGDB es unificar fuentes de datos heterogéneos del dominio de la genómica mediante rutinas que –considerando el CSHG– extraen, limpian, transforman y cargan los datos de dichos repositorios.

Diagen requiere cinco parámetros para realizar el análisis genético: un fichero con la representación en texto de una muestra de ADN, el formato del fichero de la muestra (Sequencher o Fasta), el símbolo del gen correspondiente a la muestra, el algoritmo de alineamiento a utilizar (BLAST) y el tipo de búsqueda (por posición). Además, cuenta con varios componentes traductores que permiten añadir nuevos formatos y algoritmos.



Ilustración 17. Interfaz Gráfico de Usuario de Diagen

En la Ilustración 17 se muestran las interfaces de usuario del formulario, para solicitar los parámetros del análisis genético, y del resultado del análisis realizado.

El análisis genético realizado por *Diagen* se divide en tres fases: 1) *Tratamiento*, donde la muestra de ADN es limpiada y ensamblada para crear una secuencia de consenso; 2) *Alineamiento*, donde la secuencia de consenso es comparada con la secuencia de referencia y se obtienen sus diferencias; 3) *Conocimiento*, donde las diferencias previamente encontradas son caracterizadas como variaciones, de acuerdo al CSHG, y documentadas mediante la información contenida en la HGDB.

El portal web *gembiosoft.com* es un portal comercial construido sobre un WCMS, a través del cual se trata de dar a conocer a la empresa y a sus productos y servicios, siendo *Diagen* su producto principal. Sus contenidos son textos, imágenes y vídeos para transmitir a los usuarios del portal información sobre la empresa y sus miembros, sus trabajos y publicaciones en investigación, su oferta comercial y las ventajas que proporcionan, y noticias y eventos relacionados; para los socios, el portal ofrece una sección donde publica documentos y noticias corporativas. El portal además proporciona acceso en línea a la funcionalidad de *Diagen* a aquéllos usuarios que han contratado cierto número de usos de dicha herramienta. Para ello, el portal web está integrado con *Diagen* mediante dos servicios REST, uno que proporciona la lista de genes sobre los que se ofrece la funcionalidad de análisis genético, y otro que realiza el análisis genético sobre una muestra de ADN con los parámetros mencionados anteriormente. La Ilustración 18 muestra todos los componentes involucrados en el funcionamiento del portal web, estando centrada la presente tesis de máster en los elementos situados a la izquierda de dicha ilustración (en verde).

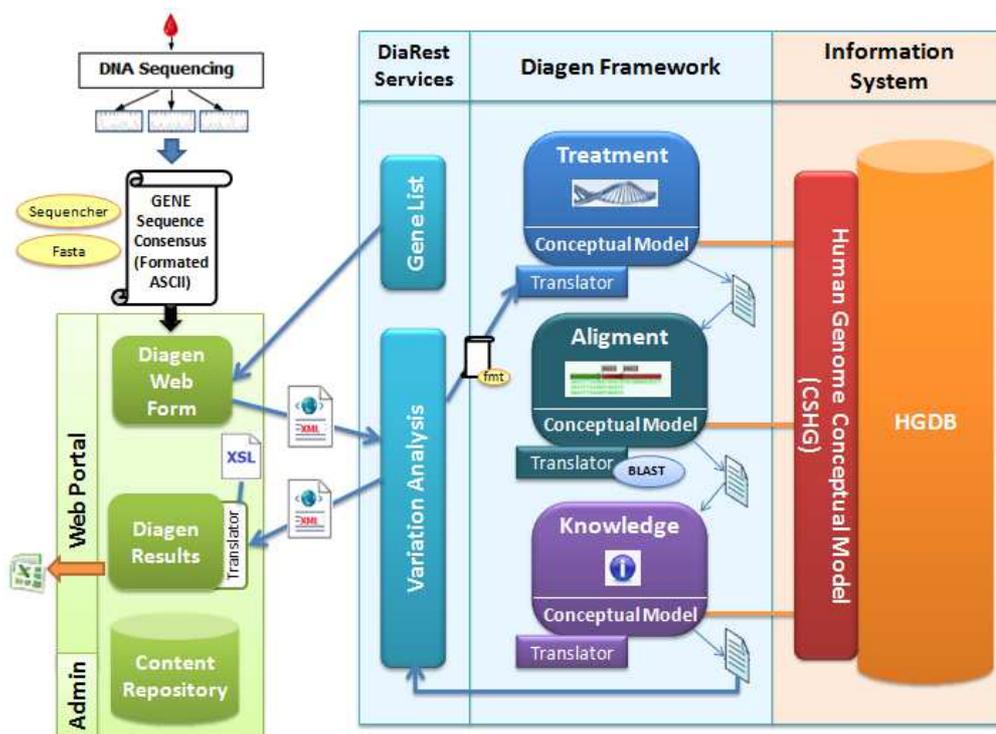


Ilustración 18. Arquitectura del portal *gembiosoft.com*

4.2 Planteamiento de los modelos necesarios

En la Ilustración 19 se muestran las cinco etapas propuestas de modelado (cuadrados) y los modelos a obtener en cada una. Las etapas propuestas se describen en los siguientes apartados.

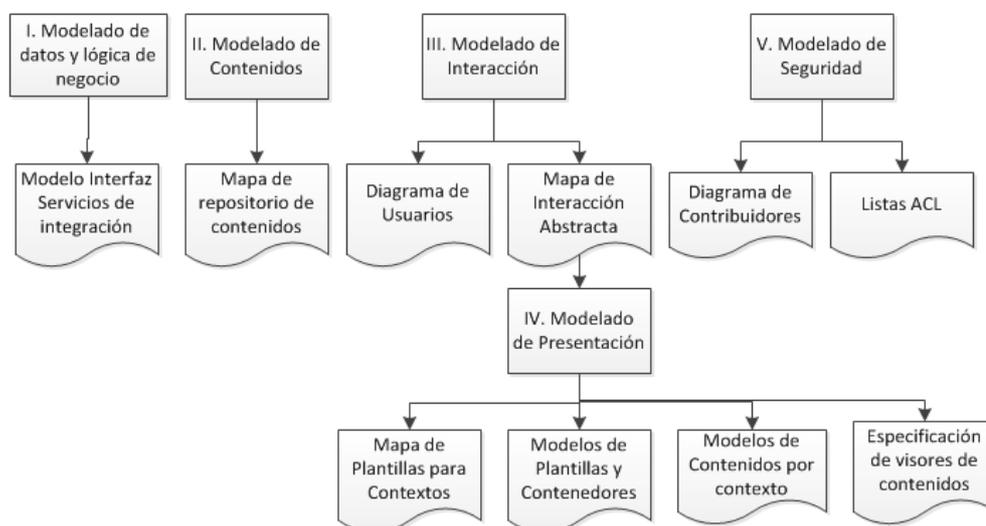


Ilustración 19. Diseño inicial de método WCMS-OOWS independiente de plataforma

4.2.1 Modelado de datos y lógica de negocio

Objetivo: modelar el problema de negocio –sus objetos y funcionalidades- de modo que se obtenga como producto final los modelos que definen un conjunto de servicios de integración, los cuales van a permitir interactuar al portal web con la lógica de negocio.

Artefacto a obtener: modelo del interfaz de los servicios de integración.

Podría utilizarse cualquier tecnología que permita la integración mencionada, pero un modelo independiente de plataforma sólo requiere una definición abstracta del interfaz de los datos de estos servicios de integración: los argumentos de la petición y la información del documento de la respuesta. No es necesario indicar a priori un protocolo concreto de cómo debe ser especificada dicha petición y respuesta (texto plano, JSON, XML, etc. mediante servicios RESTful, servicios Web, etc.).

Desde el punto de vista del desarrollo del portal web, esta fase podría reducirse a identificar las interfaces de los servicios de integración si ya existieran en la organización. Si por el contrario, la lógica de negocio estuviera por desarrollar, se podría aplicar cualquier tipo de desarrollo tradicional o dirigido por modelos que produjera los mencionados servicios. En cualquiera de los dos casos, la interfaz de los servicios de integración necesita ser modelada para su consideración como parte del portal web.

En el caso de nuestro ejemplo, el desarrollo de toda la lógica de negocio implica crear un modelo conceptual del genoma humano que permita obtener las variaciones que

presenta una secuencia genética de un paciente respecto a la secuencia de referencia, así como el conocimiento diagnóstico existente sobre las variaciones detectadas. De cara al uso de esta funcionalidad dentro del portal web, se necesitan dos servicios de integración: 1) obtener la lista de genes incluidos en la ayuda diagnóstica, y 2) obtener la ayuda diagnóstica para la muestra de ADN de un individuo. Queda fuera del alcance de este trabajo la descripción del modelo conceptual y la lógica de negocio de los servicios mencionados, pero para una explicación detallada se puede consultar (Pastor, 2008) y (Villanueva, et al., 2011). Por consiguiente, consideraremos que ambos servicios de integración existen previamente en la organización y nos limitaremos a modelar sus interfaces.

El modelo de interfaces de los servicios de integración debe especificar los datos a enviar en la petición de cada servicio y los datos que representan la información a recibir como respuesta. Existen varias aproximaciones para modelar servicios, como el perfil UML de SOA o el WADL para la descripción de servicios RESTful. La mayoría de las aproximaciones –como por ejemplo (MDD12), (Wirsing1, et al., 2006) o (Porres, et al., 2011), entre otras– se centran en una tecnología y en el modelado del comportamiento y ejecución de servicios, tratando aspectos como la descripción de servicio, registro, orquestación, mediación, seguridad, calidad de servicio, etc. Otras aproximaciones se centran en aspectos semánticos para el autodescubrimiento del servicio y la toma de decisión (Alonso, 2005). En este caso que nos ocupa, sólo es necesario modelar la información que hay que enviar en la petición y la que se recibe en la respuesta desde el punto de vista tradicional de los métodos dirigidos por modelos en sistemas de información, es decir, para saber construir la interacción con el usuario. Los aspectos de modelado de comportamiento y ejecución de los servicios serían abordados en el modelado específico de plataforma tecnológica: SOA, RESTful o cualquier implementación propietaria, como es el caso de algunos entornos legados.

Este modelo podría realizarse utilizando un diagrama de clases UML con estereotipos que indiquen la semántica de los elementos incluidos:

- cuál es la clase directora de la petición de cada servicio («*ServiceRequest*»),
- cuál es la clase directora de la respuesta de cada servicio («*ServiceResponse*»)
- cuál es la relación de dependencia de cada petición con su respuesta («*instantiate*»).
- cuál es la relación de dependencia que concatena unos servicios con otros («*combines*»), indicando qué atributo de la petición de un servicio está limitado por los valores de qué atributo de la respuesta de otro servicio.

También se pueden usar otros estereotipos y recursos UML para completar la información sobre los atributos (valores constantes, valores por defecto, listas definidas, etc.).

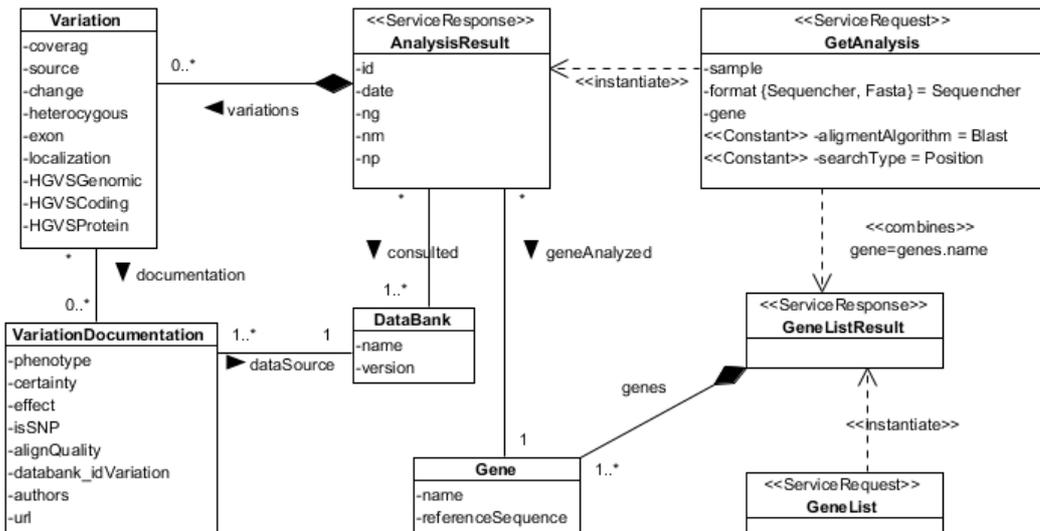


Ilustración 20. Ejemplo Modelo de interfaz de servicios de Integración

En la Ilustración 20 se muestra el modelo descrito para los servicios de integración del ejemplo. En él se definen los dos servicios, cada uno con su petición y respuesta asociada. La petición está combinada con la respuesta “GeneListResult” correspondiente a otro servicio, de modo que el valor del atributo “gene” de la petición debe ser uno de los valores del atributo múltiple “genes.name” de “GeneListResult” (atributo “name” de la clase “Gene” de la que puede haber varias instancias que componen una instancia de “GeneListResult”). Este caso funciona como un patrón de selección enumerada para el atributo “gene” de “GetAnalysis”, correspondiente a una lista dinámica obtenida a partir de la respuesta de la petición “GeneList”.

El mecanismo descrito para combinar servicios no consiste en una composición de servicios, donde varios servicios se unen para crear otro servicio de mayor complejidad; ni tampoco es equiparable a la orquestación de servicios, donde la ejecución de varios servicios se concatena para construir el flujo de un proceso de negocio. En esta propuesta, la combinación de servicios es un mecanismo simple para definir un patrón de selección enumerada sobre atributos de la petición de un servicio, mediante listas dinámicas obtenidas a partir de la respuesta de otro servicio.

4.2.2 Modelado de contenidos

Objetivo: modelar las estructuras de contenidos del repositorio del WCMS, de acuerdo al estándar CMIS. Estos contenidos son los que se van a mostrar en el portal web que no forman parte de la lógica de negocio de la aplicación integrada en el portal.

Artefacto a obtener: modelo del repositorio de contenidos

Estos contenidos no forman parte de la lógica de negocio de la aplicación, pero sí del proceso de negocio del portal web. En el ejemplo que se sigue, estos contenidos serían

información sobre el servicio de análisis genético ofrecido, productos disponibles, información de contacto, composición de la empresa, etc.

Para crear el mapa del repositorio de contenidos se puede usar un diagrama de clases con estereotipos para indicar el tipo de objeto según CMIS (*CMISDocument*, *CMISRelationship* o *CMISFolder* –Policy no se contempla en esta etapa) y se deberá especificar también el conjunto de propiedades común a cada tipo de objeto, por ejemplo, mediante una interfaz (estereotipo «*Interface*»). Las relaciones estereotipadas *CMISRelationship* se ajustan a la semántica de CMIS, es decir, entre dos tipos de documentos totalmente independientes (la naturaleza de un objeto no depende del objeto relacionado); tampoco son versionables ni se pueden definir sobre atributos binarios.

Todo WCMS tiene un tipo de documento donde guarda partes de páginas Web, el cual llamaremos “*Web Chunk*”. Además, todo documento y fichero se ubica en una carpeta, la cual a su vez puede estar bajo otra carpeta. Estos elementos deben figurar en todo mapa de repositorio de contenidos.

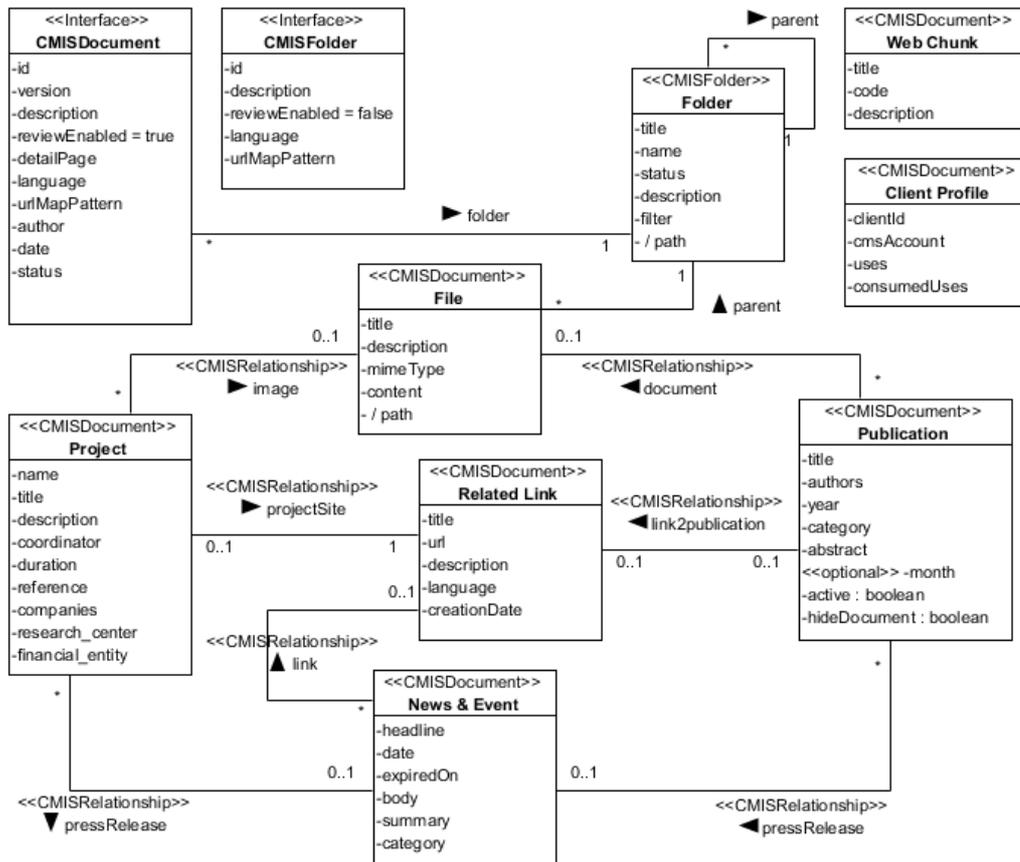


Ilustración 21. Ejemplo Modelo de Repositorio de Contenidos

Con los tipos de objetos incluidos en este modelo se define el repositorio del WCMS, para almacenar los contenidos que podrán incluirse en el portal. En el ejemplo de gembiosoft.com (Ilustración 21) el repositorio va a albergar varios tipos de documentos: proyectos donde participa la compañía («*CMISDocument*»*Project*), publicaciones que

genera el equipo («CMISDocument»Publication), noticias o eventos («CMISDocument»News & Event), enlaces relacionados («CMISDocument»Related Link) –que pueden estar asociados a alguno de los tres tipos anteriores mediante relaciones de tipo *CMISRelationship*-, y ficheros que albergan los objetos binarios («CMISDocument»File) –como por ejemplo imágenes, videos o documentos PDF. Asimismo, en otro tipo de documento se registra la información de los clientes del servicio de ayuda al diagnóstico genético («CMISDocument»Client Profile), incluidos el número de usos que tienen permitidos y las fechas de los usos que ya han consumido. Además, el modelo incluye el tipo de documento “Web Chunk” presente en los WCMS para que los contribuidores puedan crear contenidos HTML con un editor WYSWYG.

Las interfaces “CMISDocument” y “CMISFolder” definen los atributos comunes a todas las clases con el estereotipo “CMISDocument” y “CMISFolder”, respectivamente. En el ejemplo se puede observar que está activado para ambas el multilinguaje y, en el caso de la primera, el control de versiones y el ciclo de revisión, junto con los campos necesarios (*language, author, date, status, version*).

4.2.3 Modelado de Interacción

Objetivo: identificar los tipos de usuarios del portal, los contextos de interacción que definen la navegación del portal y el acceso básico⁶ de cada tipo de usuario a los distintos contextos.

Artefactos a obtener: “Diagrama de Usuarios” y “Mapa de Interacción”

Se pueden usar los modelos OOWS2 introducidos en el capítulo de *Antecedentes* “Diagrama de Usuarios” y “Mapa de Interacción”, este último sin entrar en el modelado de cada contexto de interacción del mapa.

Para el ejemplo seguido en el capítulo, los productos de esta etapa se muestran en la Ilustración 22 y en la Ilustración 23.

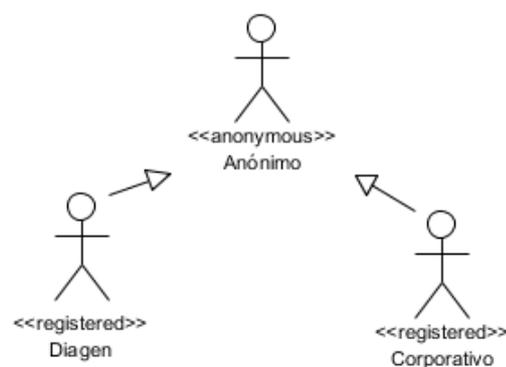


Ilustración 22. Ejemplo Diagrama de Usuarios

⁶En este punto del modelado no se puede definir aún las características de acceso de cada usuario a piezas más pequeñas de información contenidos en los contextos de interacción.

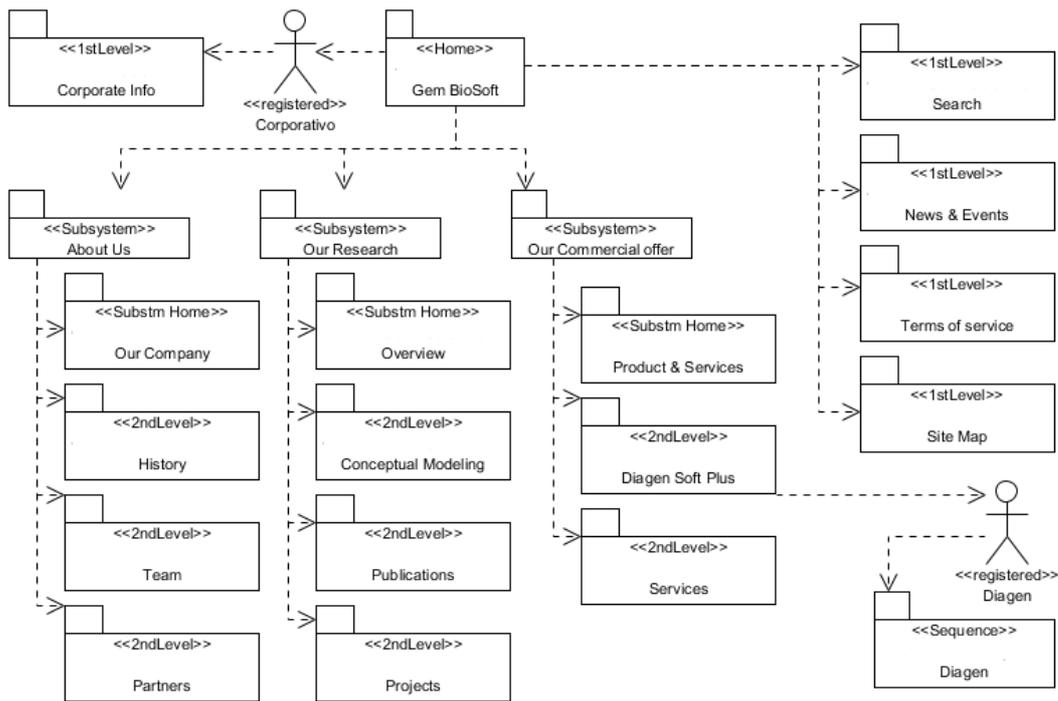


Ilustración 23. Ejemplo de Mapa de Interacción

4.2.4 Modelado de Presentación

Objetivo: identificar los elementos de presentación que van a utilizarse para construir el portal web, de acuerdo a los recursos proporcionados por las plataformas WCMS (plantillas, contenedores, visores de contenidos).

Artefactos a obtener: mapa de plantillas para contextos, modelos de plantillas y contenedores, modelos de contenidos por contexto, especificación de visores de contenidos.

Esta etapa produce varios modelos y considera ciertos aspectos sobre el diseño de la presentación que va a proporcionar el portal web a desarrollar, desde un punto de vista abstracto. En un WCMS, la presentación se basa en plantillas que incluyen contenedores, los cuales a su vez son piezas reusables que pueden incluir sólo código o ciertos visores de contenidos, de los cuales depende qué datos se presentan por cada tipo de contenido del repositorio. Una explicación sobre el papel que desempeñan los visores puede encontrarse en el apartado *Modelos de Plantillas y Contenedores*.

El orden de creación de los modelos se ha establecido de acuerdo a la lógica de diseño de sus componentes: primero se decide qué plantillas diferentes se van a necesitar de acuerdo a los bocetos de presentación creados en la fase de análisis de requisitos, luego se diseña la estructura de dichas plantillas y se identifican los huecos para los distintos tipos de contenidos para, posteriormente, identificar los contenidos concretos que van a incluirse inicialmente o los criterios de selección que van a decidir qué contenidos se van a incluir en cada hueco. Este último paso nos identificará los visores de contenidos que

son necesarios, lo que nos llevará al último paso en donde se especificará cada uno de estos visores.

Se pueden diseñar modelos de plantillas y contenedores genéricos independientes de los contextos y tener un repositorio de plantillas que se puedan utilizar en cualquier portal. Sin embargo, hay ciertos contenedores que son específicos de un portal, por lo que los modelos de plantillas y contenedores que los incluyen no podrán ser reutilizados.

Los aspectos puramente gráficos de la presentación quedan fuera del ámbito del modelado, pero en las conclusiones de este capítulo se examinan sus implicaciones.

4.2.4.1 Mapa de Plantillas para contextos

El primer modelo a obtener es el “Mapa de Plantillas para Contextos” a partir del “Mapa de Interacción” obtenido en la etapa anterior, al cual se le añade un conjunto de estereotipos que identifican las distintas plantillas de presentación que serán aplicadas a cada uno de los contextos. Cada estereotipo representará una plantilla que se diseñará en el paso siguiente.

Como se muestra en la Ilustración 24, una plantilla es una pieza reusable, asignable a cualquier contexto, que proporciona una estructura determinada para ubicar la información gracias a la utilización de otras piezas reutilizables, los contenedores. Un contenedor es una pieza reusable, incluíble en cualquier plantilla, que contiene o bien contenidos del repositorio o bien sólo código, como por ejemplo, el necesario para construir un menú de navegación. Los contenedores de contenidos pueden estar restringidos a un tipo concreto de contenido y a un número máximo de éstos. Un contenedor de contenidos no restringido a un tipo sólo podrá incluir contenidos de tipo Web Chunk o de tipo visor –contenidos que representan una lógica de presentación que puede ser parametrizable a través de sus atributos.

Con este mecanismo, los usuarios editores del portal pueden incluir contenidos dentro de cualquier contexto a partir de los contenedores de contenidos incluidos en la plantilla asignada, siempre de acuerdo al tipo y número máximo de contenidos especificados para dichos contenedores. Por cada par página/contenedor puede haber asociados un conjunto distinto de contenidos.

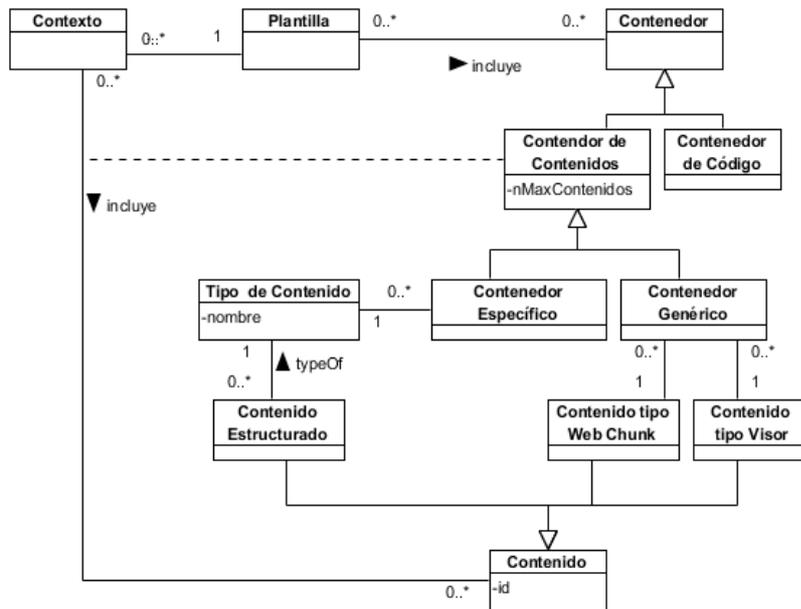


Ilustración 24. Relación entre plantillas, contenedores, contenidos y páginas

El ejemplo de la Ilustración 25 se ha obtenido a partir del Mapa de Interacción anterior (Ilustración 23). Se puede observar que se han identificado seis plantillas diferentes; el paso siguiente será modelar estas plantillas.

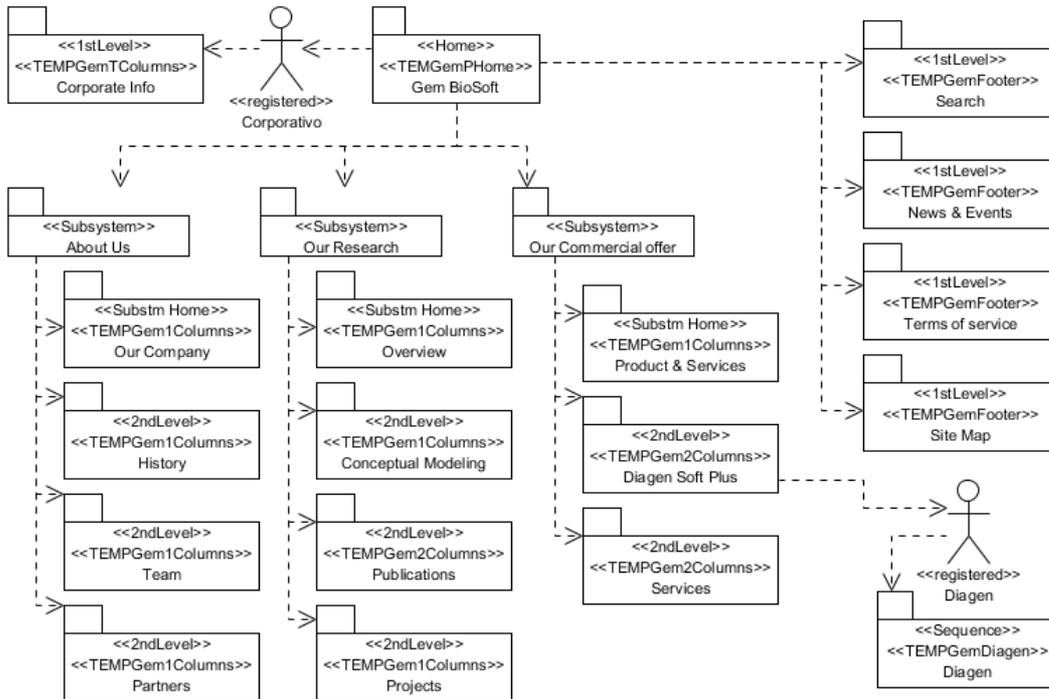


Ilustración 25. Ejemplo de Mapa de Plantillas para Contextos

4.2.4.2 Modelos de Plantillas y Contenedores

El segundo paso es crear el modelo de cada plantilla, como un conjunto de secciones – que estructuran y dividen la plantilla en áreas con un propósito concreto (encabezado, contenido principal, pie de página, menú principal, etc.)- y contenedores –que permiten incluir código o contenidos. Dependiendo de la plataforma WCMS, el código a incluir en los elementos programables es diferente (java, jsp, velocity, php, etc.). A los efectos de un modelo independiente de plataforma, el código representa una lógica para la selección o la presentación de información.

Para representar los modelos de Plantillas y Contenedores se ha utilizado el Diagrama de Despliegue de UML, utilizando el elemento «*Component*» para representar las secciones y el elemento «*Artifact*» para representar los contenedores. Cada contenedor de contenidos restringido tendrá una relación de dependencia con la clase que representa el tipo de contenido al que está restringido; los no restringidos podrán estar asociados a un tipo de visor o al tipo “Web Chunk”. La relación que une un contenido con un tipo de contenidos mostrará la restricción del número máximo de contenidos que pueden asociarse al contenedor.

Los visores están señalados con el estereotipo «*WCMSViewComponent*». Estos componentes son un tipo más de contenido del repositorio y sus atributos representan los parámetros que son tenidos en cuenta por la lógica que representan.

En la Ilustración 26 se muestra el modelo de la plantilla “TEMPGemHome”, que es la plantilla del contexto “Home” del portal de ejemplo. Se puede observar que la plantilla está estructurada en dos secciones principales, “Head” y “Body”, que esta última a su vez contiene una sección, “divTabBody”, que se estructura en otras tres: “divCellBody1”, “divCellBody2” y “divCellBody3”.

En la sección “Head” se encuentran dos contenedores de código, “Document Head” y “Home Head”, el primero para incluir el código de cabecera HTML común a todas las páginas del portal y el segundo para el código de cabecera HTML específico de la página “Home”.

En la sección “Body”, fuera del componente “divTabBody” se encuentran otros dos contenedores de código, “Page Head” y “Page Foot”, los cuales contienen el código común a todo el portal para la cabecera y el pie de página, respectivamente.

En la sección “divCellBody1” se encuentran tres contenedores: “News Container”, “ContactInfo” y “Search”. Los dos últimos son contenedores de código; el primero está asociado a un único visor de contenidos de tipo “News and Events List”. Las otras dos secciones, “divCellBody2” y “divCellBody3”, contienen cada una un contenedor asociado al tipo de contenido “Web Chunk”.

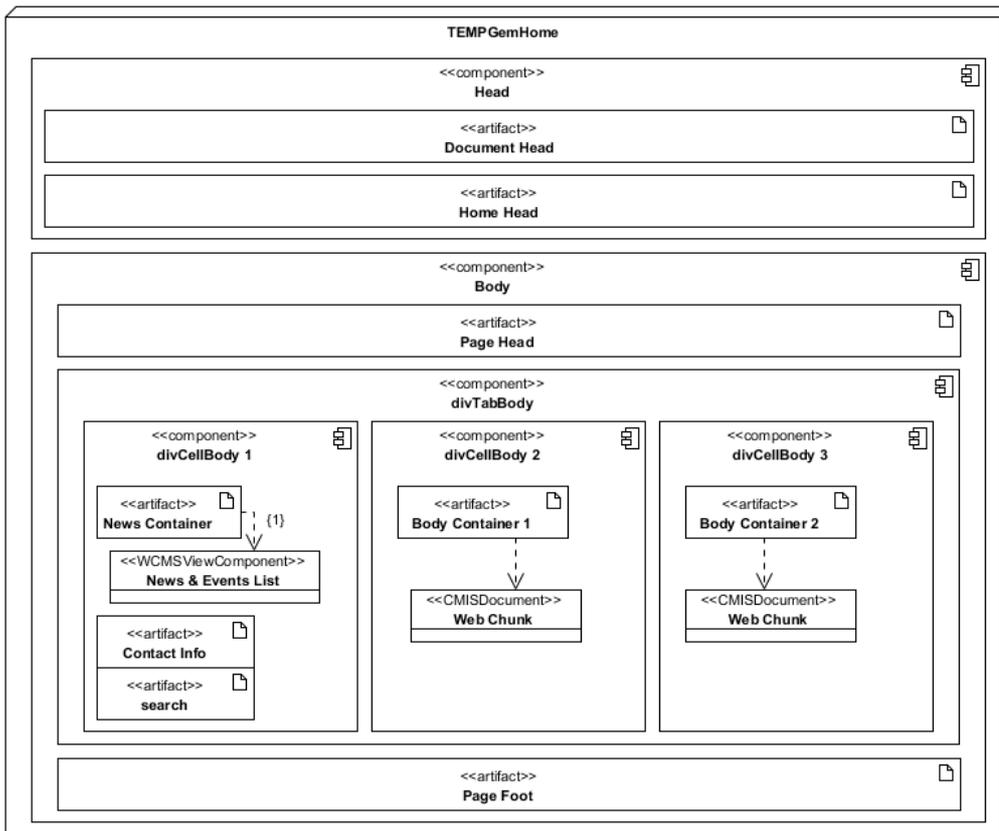


Ilustración 26. Modelo de plantillas y contenedores "TEMPGemHome"

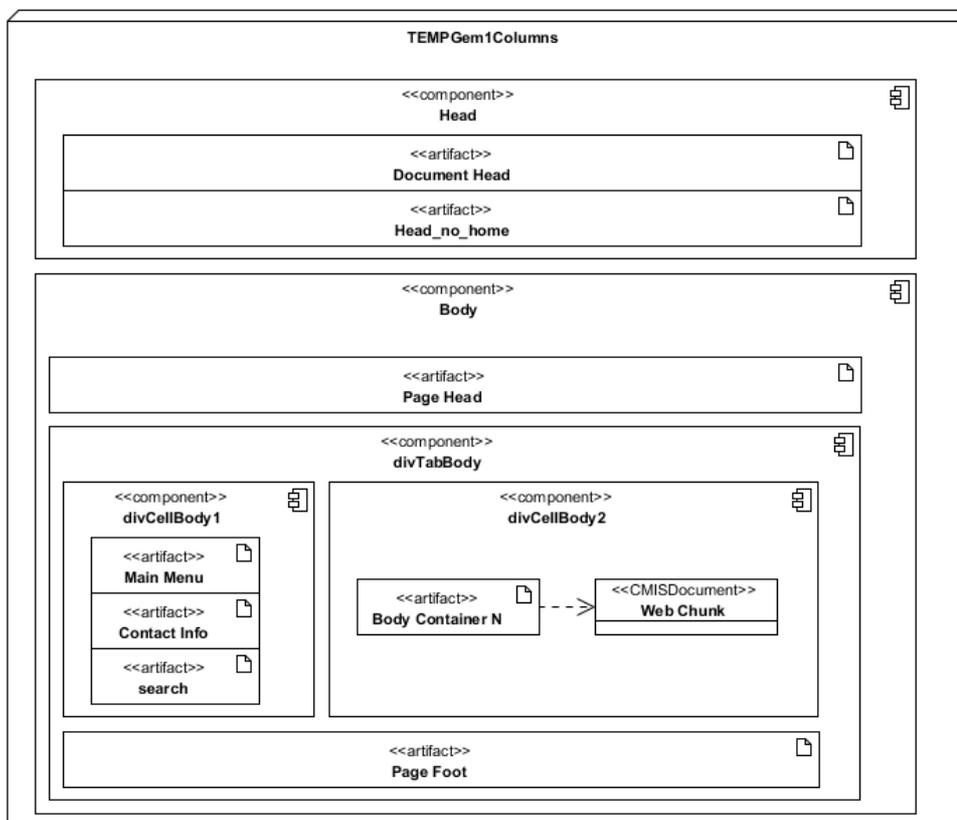


Ilustración 27. Modelo de plantillas y contenedores "TEMPGem1Columns"

En la Ilustración 28 se muestra una página con la plantilla “TEMPGem1Columns”. En rojo y línea continua se han marcado las secciones, y los artefactos en amarilla y línea continua; en línea discontinua se han enmarcado los nombres de cada sección y artefacto, con el color correspondiente.

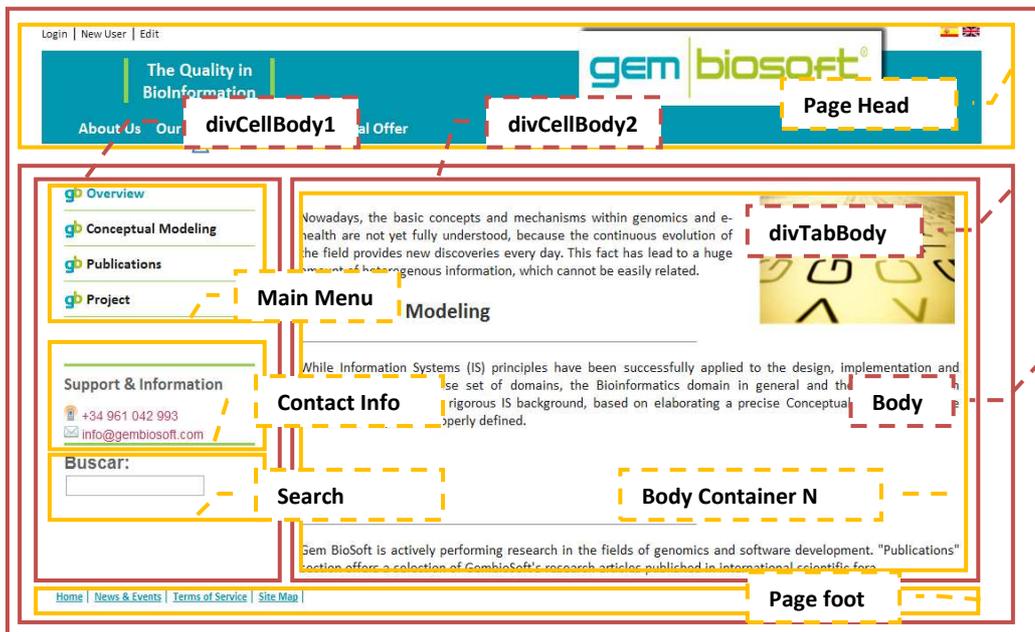


Ilustración 28. Ejemplo de aplicación de plantilla "TEMPGem1Columns"

Si comparamos la página anterior con la mostrada en la Ilustración 29, vemos que sólo cambia el contenido del contenedor “Body Container N”.

La sección “Head” no está señalada en las dos ilustraciones anteriores ya que afecta a código no visible de la página, como por ejemplo el título de la página, el icono de la barra de navegación y las referencias a otros recursos web (css, rss, js, etc.).



Ilustración 29. Página “Our Company” con plantilla “TEMPGem1Columns”

Un caso excepcional es la plantilla “TEMPGemDiagen”, diseñada para contener el interfaz de usuario de los servicios de integración (Ilustración 30).

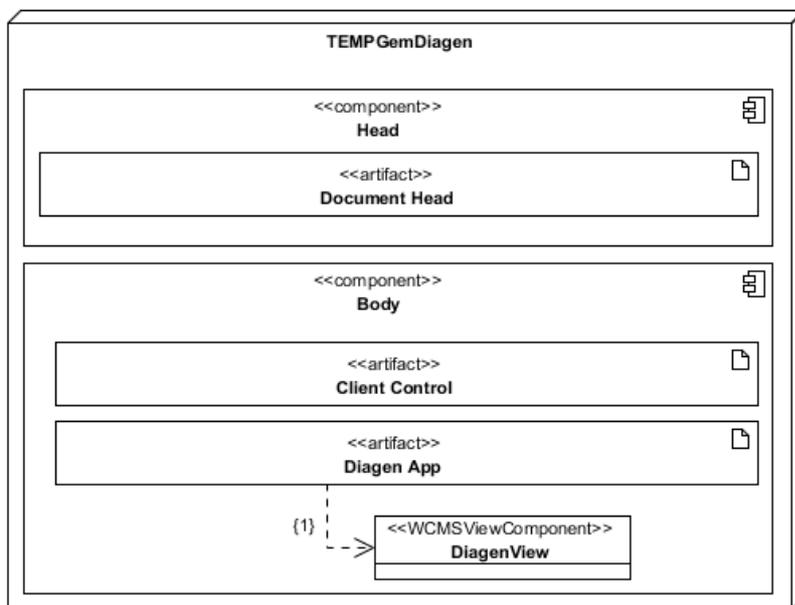


Ilustración 30. Modelo de plantillas y contenedores “TEMPGemDiagen”

Para ello, la plantilla tiene las dos secciones “Head” y “Body”. En la primera está el contenedor de código “Document Head”. En la segunda hay dos contenedores: “Client Control” y “Diagen App”, el primero para el control de acceso a la herramienta, para ver si el usuario conectado tiene aún usos pendientes de consumir, y el segundo para presentar el formulario de la petición y la tabla con la correspondiente respuesta, mediante una instancia del visor especializado “DiagenView”.

4.2.4.3 Modelos de Contenidos por Contexto

Una vez identificados todos los modelos de plantillas y contenedores, se deberá especificar por cada contexto de interacción qué contenidos va a incluir, de acuerdo a las restricciones de los contenedores ubicados en la plantilla asignada; serán los expertos quien posteriormente creen la versión final de los contenidos mencionados en este modelo.

Así, por ejemplo, los contextos de interacción del subsistema “OurResearch” se modelarían de acuerdo a la Ilustración 31: en el caso del contexto “Publications”, tenemos dos contenedores –Body_Container_N y Body_Container_M- donde en uno mostramos un “Web Chunk” que será la introducción del contexto, y en otro utilizamos el visor “PublicationList” con la configuración “full-publications”, configuración que se especificará en el paso siguiente “Especificación de visores de contenidos”. En el caso del contexto “Projects”, tenemos un único contenedor –Body_Container_N- con dos

contenidos del tipo de visor “Generic”, explicado en el siguiente apartado: “Project-list” muestra la lista de proyectos y “Project-detail” muestra el detalle de un proyecto seleccionado, bien mediante la lista anterior o bien mediante un identificador incluido en los parámetros de petición de la página.

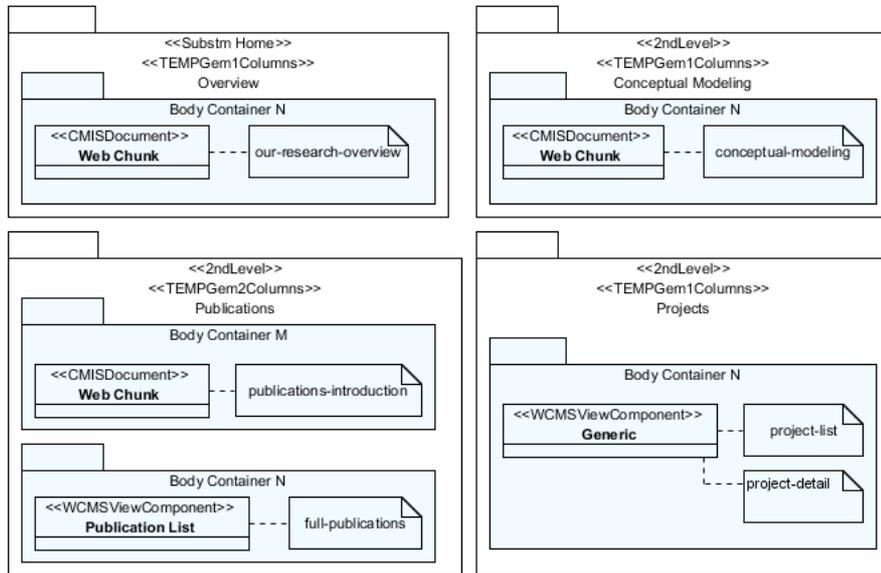


Ilustración 31. Ejemplo de modelos de contenidos por contexto

4.2.4.4 Especificación de visores de contenidos

Los visores son tipos de contenidos que se identifican con un nombre e implementan cierta funcionalidad de presentación; además, cada tipo de visor puede tener un conjunto de atributos que representan parámetros de configuración tenidos en cuenta por su lógica funcional.

Todas las instancias de cierto tipo de visor comparten la misma funcionalidad, pero su comportamiento puede variar si difieren los valores de sus parámetros. Por ejemplo, se podría crear un tipo de visor para poder incrustar tablas con cierta información y cuya parametrización permita indicar diferentes criterios de recuperación de datos, de ordenación y paginación (como una UAIP de OOWS 2.0). Otro ejemplo sería un tipo visor para incrustar un mapa de Google, cuya parametrización permita especificar las coordenadas y dimensiones del mapa, así como los elementos a mostrar (farmacias, paradas de autobuses, etc.). Estos tipos de visores –su funcionalidad y parametrización– deben ser conocidos por los contribuidores de contenidos, para poder incluir instancias de visor como un contenido más, con los parámetros adecuados a cada contexto.

Los visores de contenido se pueden incluir en cualquier contenedor no restringido un tipo de contenido. Esto permite diseñar plantillas más reutilizables que aquellas que incluyen contenedores de contenidos restringidos.

Este mecanismo también se puede utilizar para crear un tipo de visor genérico, sin parámetros de configuración ni funcionalidad común a sus instancias, donde cada

instancia debe incluir su propia funcionalidad. La diferencia con los contenedores de código es que es el creador de contenidos quien elige dónde ubicar los contenidos del tipo “visor genérico”. En el modelo anterior del ejemplo (Ilustración 31), se ha identificado este tipo de visor como “«WCMSViewComponent»Generic” en el contexto “Projects” y presenta dos instancias. Por cada instancia del tipo “visor genérico” debe especificarse su funcionalidad, ya que es particular de cada una.

En el caso de los tipos de visores no genéricos, es necesario especificar tanto los parámetros y la funcionalidad de cada tipo, como la configuración de cada una de sus instancias, es decir, el valor asignado a cada parámetro.

En el caso del ejemplo del tipo de visor “«WCMSViewComponent»PublicationList”, sus parámetros son:

- Nº total de resultados a mostrar : entero positivo (0 para todos)
- Nº de resultados por página : entero positivo (0 para todos)
- Filtro por Categorías : vector de elementos seleccionados del árbol de categorías “Tipos de Publicación”
- Campo de ordenación : { Título, Año }
- Primer campo a mostrar : { Título, Año, Referencia, Autores, Resumen }
- Segundo campo a mostrar : { Título, Año, Referencia, Autores, Resumen }
- Tercer campo a mostrar : { Título, Año, Referencia, Autores, Resumen }
- Cuarto campo a mostrar : { Título, Año, Referencia, Autores, Resumen }
- Quinto campo a mostrar : { Título, Año, Referencia, Autores, Resumen }
- Mostrar documento asociado : booleano

En este tipo de visor, los argumentos se utilizan para filtrar las publicaciones a mostrar, paginarlas, ordenarlas, elegir los campos que se muestran y exponerlos en una cierta secuencia. La instancia “publication-list”, incluida en el contexto “Publications”, tendrá la siguiente configuración:

- Nº total de resultados a mostrar = 0
- Nº de resultados por página = 0
- Filtro por Categorías = { Artículo de investigación }
- Campo de ordenación = Año
- Primer campo a mostrar = Título
- Segundo campo a mostrar = Autores
- Tercer campo a mostrar = Año
- Cuarto campo a mostrar = Referencia
- Quinto campo a mostrar =
- Mostrar documento asociado = true

Además de la descripción funcional y la especificación de parámetros, la lógica de estos visores debe ser modelada. Para ello se podría utilizar una semántica extendida de las Unidades Abstractas de Interacción de OOWS 2.0; se modelará la interacción de cada contexto, considerando por una parte el efecto de los parámetros de configuración del

visor –si los tiene-, y por otra parte la posible entrada de información que haya que solicitar al usuario.

Una de las extensiones a considerar en los modelos OOWS 2.0 es el tratamiento de servicios de integración. La semántica de OOWS 2.0 debe interpretar un servicio de integración como la combinación de una Unidad de Interacción Abstracta de Servicio (UIAS) y una Unidad de Interacción Abstracta de Población (UIAP). La clase maestra de la petición debe tener el estereotipo «*ServiceRequest*», y si la determinación del valor de sus atributos requiere la intervención del usuario (no son valores constantes), deberá presentar un formulario de acuerdo a la especificación de dichos atributos. Este formulario deberá considerar el patrón de selección enumerada de combinación de servicios si se encuentran relaciones con el estereotipo «*combines*», de acuerdo a lo comentado anteriormente en el apartado *Modelado de datos y lógica de negocio*. El resultado de la ejecución de la petición del servicio se modela como una UIAP cogiendo como clase maestra la que tiene el estereotipo «*ServiceResponse*» y está relacionada con la clase maestra de la petición mediante el estereotipo «*instantiate*». El visor “<<WCMSViewComponent>>DiagenView” sería un ejemplo de este caso, cuyo modelo se muestra en la Ilustración 32.

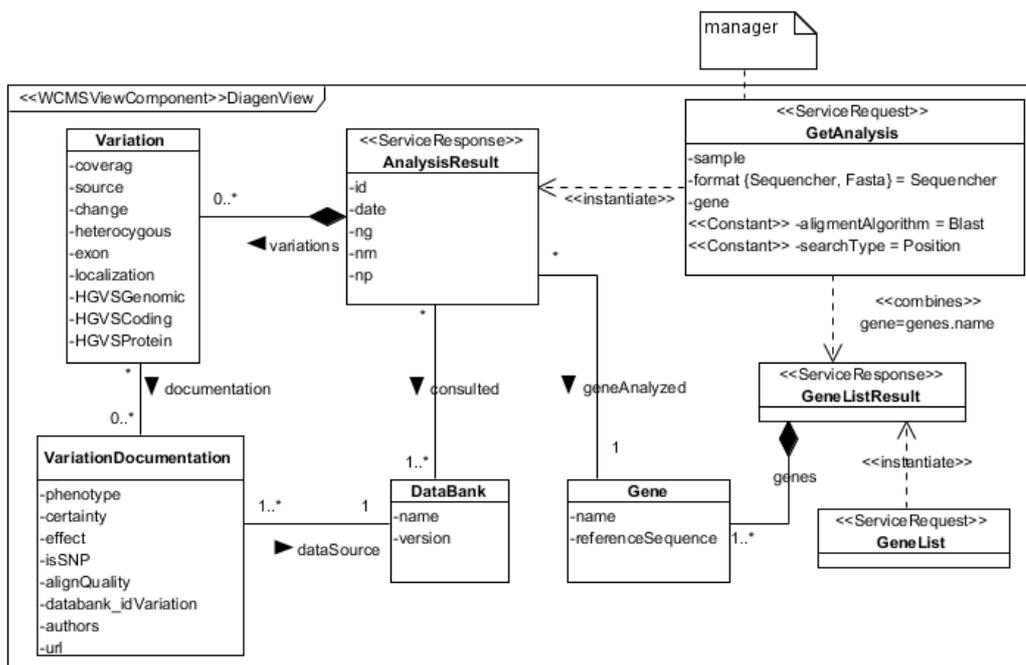


Ilustración 32. Ejemplo Componente Visor "DiagenView"

4.2.5 Modelado de Seguridad

Objetivo: identificar los tipos de contribuidores del portal, acciones de administración del portal y acciones de gestión de contenidos, así como los permisos que definen las listas de acceso a acciones y elementos del gestor de contenidos.

Artefactos a obtener: “Diagrama de Contribuidores” y “Listas ACL”

Una vez que en las etapas anteriores se han identificado todos los componentes del portal y sus tipos de usuarios, queda por especificar todos los permisos necesarios.

Para ello, es necesario identificar los tipos de usuarios y permisos que se otorgarán para ejecutar las funcionalidades de la gestión de contenidos. Mediante el Diagrama de Contribuidores se identifican los tipos de usuarios que van a acceder a la gestión del portal. En la Ilustración 33 se muestra el Mapa de Contribuidores del portal de ejemplo.

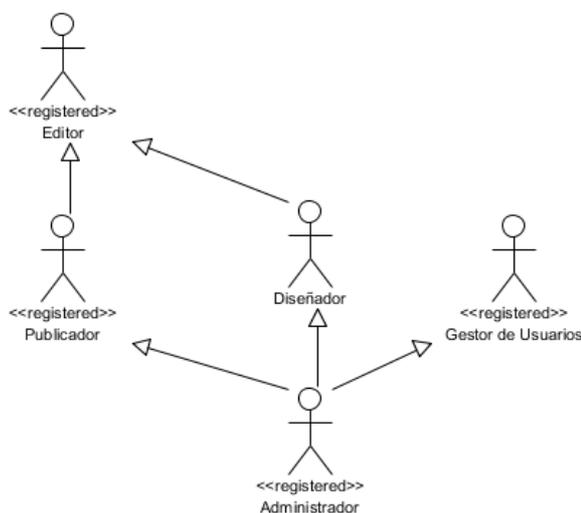


Ilustración 33. Ejemplo de Mapa de Contribuidores

Una vez identificados todos los tipos de usuarios sólo queda modelar los permisos, para lo cual hay que especificar una lista ACL –de control de acceso. Por una parte, tendremos grupos de objetos de repositorio y, por otra, acciones de la funcionalidad de gestión del WCMS. Algunas acciones son aplicables a cierto tipo de elementos (modificar, borrar o publicar contenidos, plantillas, contenedores) y otras a funciones de administración (crear usuario, crear rol, hacer copias de respaldo, etc.). Respecto al primer caso, se deberán especificar qué tipos de usuario del portal tienen acceso a qué grupos de objetos y con qué permisos (qué acciones pueden ejecutar). Respecto al segundo, se deberán especificar qué acciones de administración hay disponibles y qué tipos de contribuidores tienen acceso a qué acciones. Las acciones a considerar al diseñar las listas ACL son las correspondientes a la funcionalidad común de un WCMS, aunque se podría considerar el incluir acciones específicas de una plataforma o conjunto de plataformas determinadas, que fueran consideradas por el compilador especializado.

4.3 Conclusiones

Dadas las conclusiones del capítulo anterior, en el presente capítulo se ha tratado exponer la aproximación de una alternativa que aproveche la sinergia entre las ventajas de la creación de portales web mediante plataformas WCMS y las que tiene el utilizar modelos para guiar el desarrollo software. Para ello se han esbozado los modelos necesarios y se han creado ejemplos para exponer mejor las ideas introducidas.

Este planteamiento basado en modelos tiene la ventaja de que, aunque no se creen compiladores para convertir los modelos en código o pseudo-código, los modelos propuestos permiten diseñar el portal web de forma sencilla, sin introducir retrasos en su puesta en marcha, y con la ventaja de poder verificar su coherencia y adaptación a los requisitos antes de iniciar la implementación. La integración con aplicaciones de uso intensivo de datos, mediante servicios de integración, separa la problemática de crear un portal web de la problemática propia de la lógica de negocio de una aplicación sobre un Sistema de información; incluso se puede diseñar el portal y avanzar en su implementación antes que los servicios de integración estén implementados, sólo con el modelo de sus interfaces de datos.

La capacidad de crear compiladores específicos de plataforma depende de la flexibilidad de las plataformas WCMS para dar de alta elementos de forma programática, sin usar formularios HTML. Por otra parte, siempre se podría considerar programar la interacción con dichos formularios y automatizar así las tareas de creación y configuración de elementos. Asimismo, sería muy útil la creación de un compilador para crear, a partir de los modelos, un prototipo HTML sencillo que permita la validación del planteamiento del desarrollo por parte de usuarios y diseñadores web de una forma más ágil y visual.

Una plantilla y sus contenedores resultan finalmente en código HTML. Por sí mismo HTML no proporciona el aspecto gráfico de una página web; su principal propósito es el de estructurar los datos a presentar. El aspecto gráfico se consigue mediante plantillas CSS y HTML dinámico, que mediante la utilización de código Javascript proporciona interacción con el usuario más allá de simples formularios HTML. Por consiguiente, el código HTML a obtener debe utilizar elementos HTML que permitan su configuración gráfica mediante clases CSS, así como incluir el código Javascript necesario para proporcionar la experiencia de uso más adecuada a los tipos de elementos (calendarios para selección de fechas, cajas de selección combinadas, etc.).

La potencia de las plantillas de estilo CSS se puede observar en el menú de cabecera del ejemplo ilustrativo del capítulo. Todas las plantillas incluyen el menú de cabecera con el contenedor de código "Page Head". Sin embargo, el aspecto gráfico de dicho menú en la página principal y en el resto de las páginas es muy distinto, como se puede observar en la Ilustración 28 (plantilla TEMPGem1Columns) y la Ilustración 34 (plantilla TEMGemHome). Esto se debe a que en la sección "Head" la primera plantilla incluye el contenedor de código "Head_no_home" y la segunda el contenedor "Home Head", siendo la principal diferencia entre ambos el fichero CSS que se incluye. Simplemente

cambiando la definición de las clases CSS que se aplican sobre los elementos del menú de cabecera, se consigue una disposición y un aspecto visual distintos.

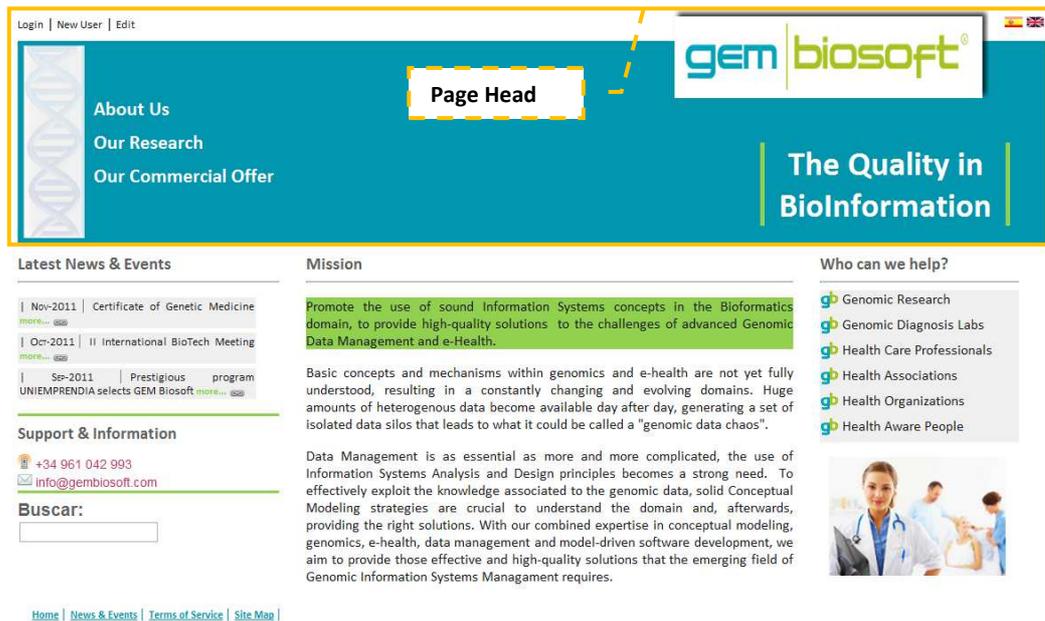


Ilustración 34. Contexto "Home" con plantilla TEMPGemHome

HTML5 (Hickson, 2011) con CSS3 (Etemad, 2011) supone un gran avance al proporcionar nuevos elementos que simplifican y mejoran la interacción del usuario, así como la estructuración y decoración de las páginas web. HTML5 incorpora una serie de nuevas etiquetas mejor orientadas a la estructura de los contenidos de una página y al manejo de datos multimedia. Los recursos de CSS3 permiten un control mucho mayor para alterar la disposición, aspecto e interacción de los elementos HTML, minimizando la intervención de Javascript. Las mejoras de estos nuevos recursos hacen de ellos el complemento ideal para la implementación de un portal web hoy en día. Una buena demostración de las capacidades de esta nueva tecnología puede encontrarse en <http://slides.html5rocks.com>. Sin embargo, a partir de los modelos abstractos comentados en los apartados previos, parece lo más apropiado tener varios compiladores de modelos para traducir estructuras de repositorio, plantillas, contenedores y visores en código de alguna de las versiones de la tecnología HTML, incluyendo versiones para plataformas móviles. Por otra parte, también serán necesarios compiladores que incorporen todos los componentes generados en una plataforma WCMS específica, donde hay mucha diversidad. Este mecanismo divide el problema de la transformación de modelos abstractos en código específico de plataforma en varios niveles, pudiéndose tratar de una manera separada los problemas de distinto dominio.

5

Conclusiones, Publicaciones y Trabajo Futuro

En esta tesis de máster se ha presentado un análisis de viabilidad de OOWS 2.0 –como ejemplo de método de Ingeniería Web dirigida por modelos- para desarrollar portales web de uso industrial de cierta complejidad, como es el portal de genómica personalizada *23andme* utilizado como ejemplo ilustrativo. Para ello, con el Modelo de Interacción Abstracta de OOWS 2.0 se ha intentado modelar el portal ejemplo y, a partir de dicho trabajo, se han identificado varios problemas del modelo.

El trabajo realizado para esta tesis de máster ha concluido que la semántica del modelo analizado tiene significativas carencias de expresividad para modelar *23andme*, y ha permitido obtener una serie de conclusiones subjetivas sobre el uso del método, que pueden ser tomadas en consideración para valorar métodos similares. Otro trabajo análogo (López, 2012) también ha encontrado carencias en la expresividad del método para modelar otro importante portal de genómica personalizada –*deCODEme*- lo que, sumado al caso de *23andme*, ha resultando en una propuesta para mejorar la semántica del Modelo de Interacción Abstracta de OOWS 2.0

Aún con las carencias semánticas identificadas, parte del Modelo de Interacción Abstracta ha servido al propósito de describir el portal analizado y detectar pequeños errores o necesidades de mejora. También se ha visto que un portal de genómica personalizada tiene dos tipos de información: la relevante para el diagnóstico genético, perteneciente al dominio del genoma humano, y los contenidos propios del portal web, que requieren de la colaboración de usuarios no técnicos para su creación y mantenimiento. Este último tipo de información menos estructurada (documentos, imágenes, videos, etc.) y sus necesidades funcionales están soportados en Gestores de Contenidos Web (WCMS).

El uso de plataformas WCMS está muy extendido en la creación de portales web industriales, al contrario de lo que sucede con los métodos de Ingeniería Web dirigidos

por modelos. Sin embargo, estas plataformas no son adecuadas para la gestión de datos altamente estructurados y relacionales, como son aquéllos en los que se apoyan las herramientas de diagnóstico genético personalizado. Tampoco la creación de portales mediante WCMS suelen estar dirigida por modelos que faciliten la evaluación temprana de su corrección y adecuación a los requisitos, y permitan algún grado de generación automática de código.

La contribución de este trabajo es doble. La primera y principal es la identificación y justificación de problemas objetivos y subjetivos para poder modelar *23andme* mediante el método OOWS 2.0, ambos como ejemplos ilustrativos de un portal web de alta complejidad y de un método de Ingeniería Web dirigido por modelos, respectivamente. La segunda es el planteamiento inicial de los modelos necesarios para que un método de Ingeniería Web pueda aprovechar las ventajas que ofrecen las plataformas WCMS.

5.1 Publicaciones y Trabajo de Investigación realizado

Los resultados de esta tesis de máster han sido enviados para su publicación en dos conferencias internacionales, el “XV Congreso Iberoamericano en ‘Software Engineering’” (CIBSE), convocada para abril de 2012 en Buenos Aires, y la “VI Conferencia Internacional sobre Desafíos de Investigación en la Ciencia de la Información” (RCIS), convocada para mayo de 2012 en Valencia.

A. R. Guzmán, V. López, F. Valverde and J. I. Panach: Web 2.0 Patterns: A Model-driven Engineering Approach. Ibero-American Conference on Software Engineering (CIBSE), 2012, Buenos Aires (Argentina)

A. R. Guzmán, V. López, F. Valverde, S. Casteleyn and O. Pastor: Assessing a Web Engineering Method in Practice: a Preliminary Analysis for Personal Genomics Portals. International Conference on Research Challenges in Information Science (RCIS), 2012, Valencia (España)

Además se ha participado en el artículo de demostración de la aplicación de ayuda al diagnóstico genético, creada por el Centro Pros, e integrado en el portal web de la empresa Gem Biosoft siguiendo las recomendaciones propuestas en esta tesis de máster.

M. J. Villanueva, A. R. Guzmán, F. Valverde and A. M. Levin: Diagen: A model-based bioinformatic tool for genetic analysis. International Conference on Research Challenges in Information Science (RCIS), 2012, Valencia (España)

Los modelos propuestos para aprovechar las ventajas de los WCMS se han utilizado en buena parte del diseño de un nuevo portal de genómica personalizada, *gembiosoft.com*. El portal se ha implementado completamente mediante *dotCMS*, una plataforma WCMS abierta, en tecnología Java, que también se comercializa a nivel empresarial.

5.2 Trabajo Futuro

El análisis realizado en esta tesis de máster ha conducido a esbozar una propuesta para aprovechar la sinergia entre los WCMS y los métodos de Ingeniería Software dirigidos por modelos. Para profundizar en esta propuesta y proporcionar un nuevo método dirigido por modelos apto para la creación de portales web complejos –como los de genómica personalizada- basados en WCMS es necesario abordar una serie de tareas:

- Contrastar que los modelos propuestos son aplicables a los WCMS del mercado.
- Contrastar los modelos propuestos mediante la modelización completa de la nueva web de genómica personalizada de GEM Biosoft.
- Definir formalmente el nuevo método y sus modelos mediante UML u otras notaciones de modelado del ámbito de la Ingeniería Web.
- Validar la usabilidad del método para los analistas y diseñadores de portales web basados en WCMS.
- Crear un compilador que genere pseudo-código a partir de los modelos del nuevo método.
- Crear un compilador que permita obtener un prototipo rápido del portal web, mediante HTML5 y CSS3.
- Crear un compilador específico de plataforma que configure un WCMS concreto y deje listo el portal para la incorporación de sus contenidos, probando su funcionamiento en la creación de un nuevo portal web de alta complejidad.

Como segunda línea de investigación, se abordarán las tareas para definir un método dirigido por modelos que proporcione la generación automática de servicios de integración, los cuales ejecuten la lógica de negocio a integrar en un portal web creado con un WCMS o en otra aplicación corporativa, mediante la construcción de un compilador para generar la implementación de dichos servicios.

6

Bibliografía

Adrion W.R., Branstad M.A. and Cherniavsky J.C. Validation, Verification, and Testing of Computer Software [Journal] // ACM Computing Surveys (CSUR). - 1982. - 2 : Vol. 14.

Allamaraju Subbu RESTful Web Services Cookbook [Libro]. - [s.l.] : O'Reilly Media / Yahoo Press, 2010.

Alonso J.M. Servicios Web Semánticos [Online] // W3C. - W3C Oficina Española, Feb 25, 2005. - Jan 30, 2012. - <http://www.w3c.es/Presentaciones/2005/0202-BPMS-JA/22.html>.

Austerberry D. Digital asset management [Libro]. - [s.l.] : Focal Press, 2004.

Benevolo C. and Negri S. Evaluation of Content Management Systems (CMS): a Supply Analysis [Journal] // Electronic Journal of Information Systems Evaluation. - EJISE : [s.n.], Jan 2007. - 1 : Vol. 10. - pp. 9-22.

Boiko Bob Content Management Bible [Libro]. - ISBN: 0-7645-7371-3 : Wiley Publishing, Inc., 2005. - 2nd.

Caruana David Alfresco CMIS // Alfresco Developer Conference. - Paris : [s.n.], 2010.

Ceri S., Fraternali P. and Bongio A. Web Modeling Language (WebML): a modeling language for designing Web sites [Conference] // WWW9 Conference. - Amsterdam : [s.n.], 2000. - pp. 137-157.

Consortium International Human Genome Sequencing Finishing the euchromatic sequence of the human genome [Publicación periódica] // Natura. - October de 2003. - Vol. 431. - págs. 931-945.

de Sousa Saraiva João and Rodrigues da Silva Alberto Development of CMS-Based Web-Applications Using a Model-Driven Approach [Conference] // Fourth International Conference on Software Engineering Advances. - 2009. - pp. 500-505.

Didonet Del Fabro M. and Valduriez P. Towards the efficient development of model transformations using model weaving and matching transformations [Conference] // Software and Systems Modeling. - 2009. - Vol. 8(3). - pp. 305-324.

Didonet Del Fabro M. y Valduriez P. Towards the efficient development of model transformations using model weaving and matching transformations [Conferencia] // Software and Systems Modeling. - 2009. - Vol. 8 (3). - págs. 305-324.

Etemad E.J. CSS [Online] // W3C. - W3C, 05 12, 2011. - 01 30, 2012. - <http://www.w3.org/TR/CSS/#css3>.

Fons J. [et al.] Development of Web Applications from Web Enhanced Conceptual Schemas [Conference] // ER 2003, Vol. 2813. - [s.l.] : LNCS Springe, 2003. - pp. 232-245.

Garzotto F. and Perrone V. Industrial Acceptability of Web Design Methods: an Emperical Study [Journal] // Journal of Web Engineering. - March 2007. - 1 : Vol. 6. - pp. 73 – 96.

Garzotto F. y Perrone V. Industrial Acceptability of Web Design Methods: an Empirical Study [Publicación periódica] // Web Engineering. - March de 2007. - 1 : Vol. 6. - págs. 73 – 96.

Goodwin S. y Vidgen R. Content, content, everywhere...time to stop and think? The process of Web content management [Publicación periódica] // Computing & Control Engineering Journal . - april de 2002. - 2 : Vol. 13. - págs. 66-70.

Hickson Ian HTML5 [Online]. - W3C, 05 25, 2011. - 01 30, 2012. - <http://www.w3.org/TR/html5/>.

Jacobson Ivar, Ericson M. and Jacobson A. The Object Advantage: Business Process Reengineering with Object Technology [Book]. - [s.l.] : Editorial Addison-Wesley, 1994.

Koch N. Software Engineering for Adaptive Hypermedia Systems: Reference Model, [Libro]. - PhD. Thesis, LMU Munich : [s.n.], 2000.

López Victoria Ingeniería Web Dirigida por Modelos en Bioinformática: Análisis de deCODEme.con OOWS. - 2012. - Tesis de Máster.

Luinenburg Lutzen [et al.] Designing Web Content Management Systems Using the Method Association Approach [Journal] // Model-Driven Web Engineering. - 09 2008. - pp. 106-120.

Martin Adriana and Cechich Alejandra A Model-Driven Reengineering Approach to Web Site Personalization [Conference] // Proceedings of the Third Latin American Web Congress. - Washington, DC, USA : IEEE Computer Society, 2005. - pp. 14--.

McKeever Susan Understanding Web content management systems: evolution, lifecycle and market [Conferencia] // Industrial Management & Data Systems, Vol. 103 Iss: 9. - 2003. - págs. 686-692.

MDD4SOA [Online] // Model-Driven Development for Service-Oriented Computing. - 01 30, 2012. - <http://mdd4soa.eu/>.

Meliá S. and Cachero C. An MDA Approach for the Development of Web Applications [Conference] // 4th International Conference on Web Engineering (ICWE). LNCS, Springer. - Munich (Germany) : [s.n.], 2004.

Mendes E. A systematic review of Web Engineering research [Conferencia] // International Symposium on Empirical Software Engineering. - Noosa Heads, Australia : [s.n.], November 2005. - págs. 498 – 507.

Mooney SD and Baenziger PH Extensible open source content management systems and frameworks: a solution for many needs of a bioinformatics group [Journal] // Briefings in Bioinformatics. - 2008. - pp. 69-74.

Murugesan, S.; Deshpande, Y.; Hansen, S.; Ginige, A. Web Engineering: A New Discipline for Development of Web-Based Systems [Conference] // Web Engineering. - 2001. - Vol. 8. - pp. 3-13.

OASIS Content Management Interoperability Services (CMIS) [En línea] // OASIS. Advanced open standard for the information society. - may de 2011. - <http://docs.oasis-open.org/cmisis/CMIS/v1.0/os/cmisis-spec-v1.0.html>.

OASIS Content Management Interoperability Services (CMIS) [Informe] : Standard / OASIS. - 2010. - <http://docs.oasis-open.org/cmisis/CMIS/v1.0/os/cmisis-spec-v1.0.htm>.

Pastor O. and Molina J.C. Model driven development in practice [Book]. - [s.l.] : Springer, 2007.

Pastor Lopez Oscar [et al.] OO-METHOD: An OO Software Production Environment Combining Conventional and Formal Methods [Conference] // International Conference on Advanced Information Systems (CAISE) / ed. Springer. - 1997. - pp. 145-158.

Pastor O. Conceptual modeling meets the human genome [Conference] // CONCEPTUAL MODELING - ER. - Berlin / Heidelberg : Lecture Notes in Computer Science - Springer, 2008. - Vol. 5231. - pp. 1-11.

Porres I. and Rauf I. Modeling behavioral RESTful web service interfaces in UML [Conference] // ACM Symposium on Applied Computing (SAC). - Taichung (Taiwan) : [s.n.], 2011. - pp. 1598-1605.

Richmond M. [et al.] Model-Driven Development and Assembly of Content Management Applications [Conference] // 4th OOPSLA Workshop on Domain-Specific Modeling. - 2004.

Saraiva João de Sousa y Silva Alberto Rodrigues da Development of CMS-Based Web-Applications Using a Model-Driven Approach [Conferencia] // Fourth International Conference on Software Engineering Advances. - 2009. - págs. 500-505.

Schmidt Douglas C. Model-Driven Engineering [Publicación periódica] = <http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.106.9720&rep=rep1&type=pdf> // IEEE Computer. - 2006. - 2 : Vol. 39. - págs. 25-31.

Schwabe D., Rossi G. and Barbosa S. Systematic Hypermedia Design with OOHDMM [Conference] // ACM Conference on Hypertext. - Washington (USA) : [s.n.], 1996.

Souer Jurriaan [et al.] Model-Driven Web Engineering for the Automated Configuration of Web Content Management Systems [Book Section] // Web Engineering. Lecture Notes in Computer Science. - [s.l.] : Springer, 2009.

Valverde Giromé Francisco OOWS 2.0: Un método de Ingeniería Web Dirigido por Modelos para la producción de aplicaciones WEB 2.0 [Report]: Ph. D. Thesis / Departamento de SISTEMAS INFORMATICOS Y COMPUTACION ; Universidad Politécnica de Valencia. - Valencia : Universidad Politécnica de Valencia, 2010.

Villanueva M.J. [et al.] Diagen: a model-driven framework for integrating bioinformatic tools [Conference] // CAiSE Forum. - 2011. - pp. 105-112.

W3C A history of HTML [En línea] // A history of HTML. - 1998. - 9 de octubre de 2011. - <http://www.w3.org/People/Raggett/book4/ch02.html>.

Web Engineering.org [Online] // Web Engineering Community Portal. - 08 2011. - 12 10, 2011. - <http://www.webengineering.org/>.

Wilkoff N. [et al.] What's Next For Content Management? [Journal] // Forrester Research. - Nov 2001.

Wirsing1 M. [et al.] Semantic- Based Development of Service-Oriented Systems [Conference] // Formal Methods for Networked and Distributed Systems (FORTE). - Paris (France) : [s.n.], 2006. - pp. 24-45.

Anexo A.

Metamodelo RIA de OOWS 2.0

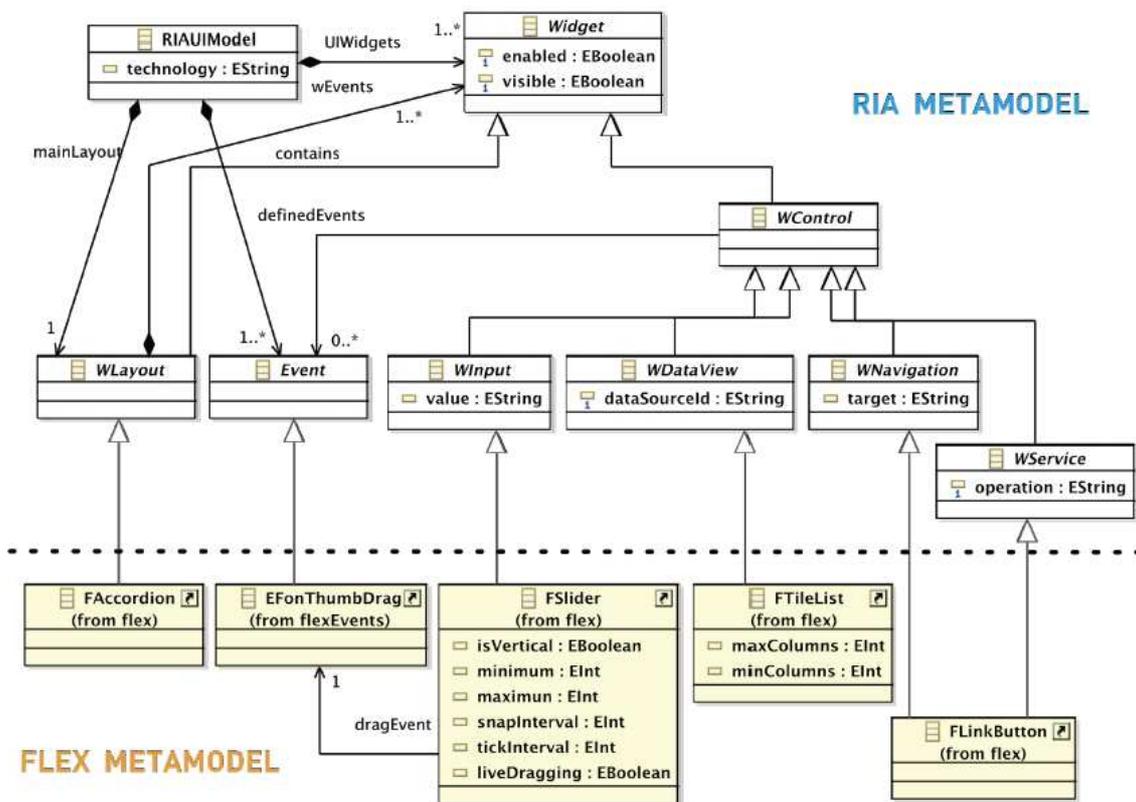


Ilustración 35. Vista widget del metamodelo RIA y su especificación en FLEX

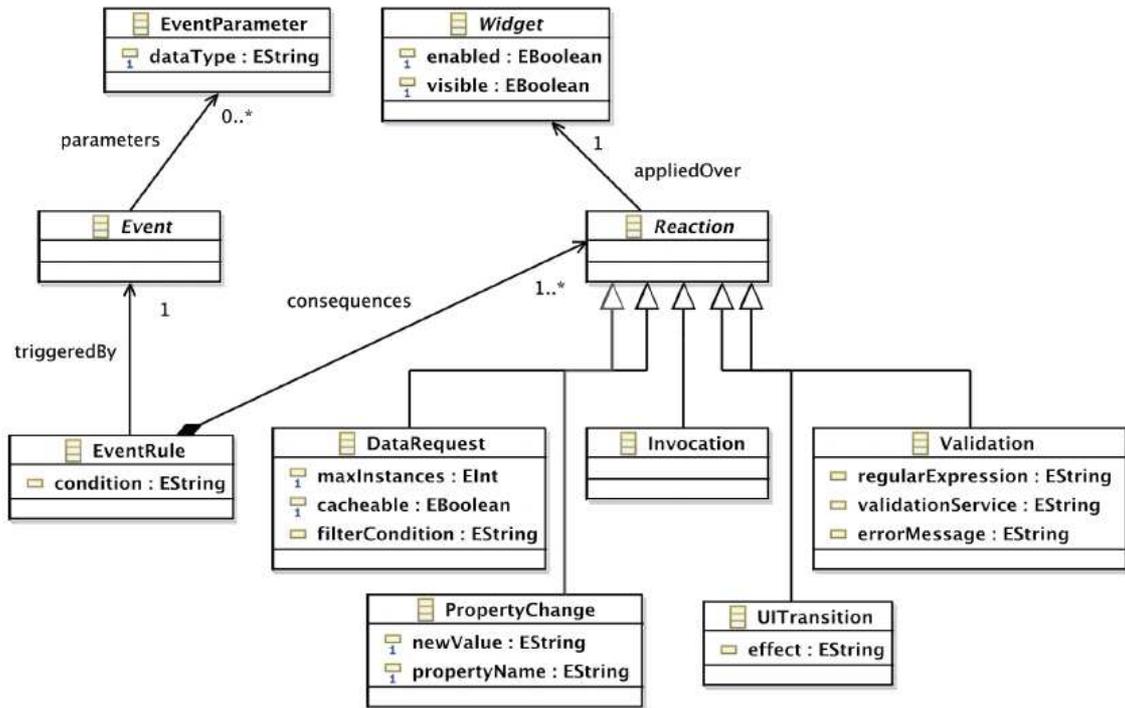


Ilustración 36. Vista evento del metamodelo RIA

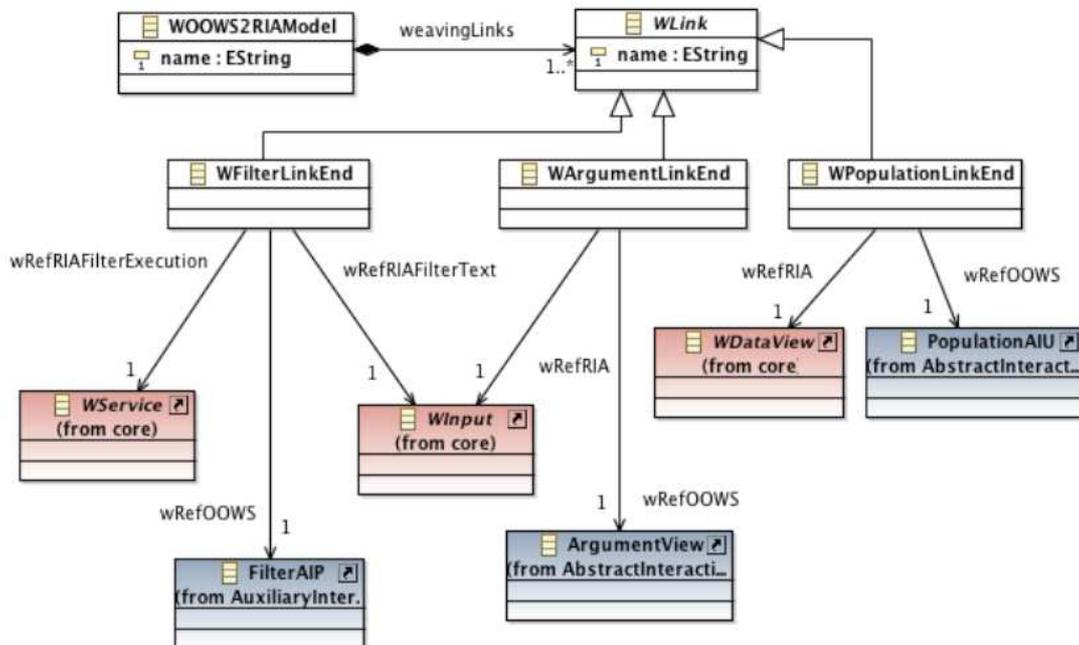


Ilustración 37. Weaving metamodel para OOWS 2.0

A partir de los conceptos introducidos en el metamodelo de interfaz RIA, inicialmente la tesis que presenta OOWS 2.0 define los siguientes nuevos patrones Web 2.0 de interacción entre el usuario y el sistema:

- 1) *Quick Comment*: para introducir comentarios personales sobre un contenido específico de una web, como los que se usan en los periódicos digitales.
- 2) *TagDefinition*: para asignar etiquetas a un contenido, bien sea mediante la introducción del nombre de la etiqueta o bien mediante su selección en una lista.
- 3) *Notification*: para comunicar al usuario eventos en la aplicación que sean de su interés, como cuando un usuario es etiquetado en una foto.
- 4) *CollaborativeEditing*: crear o modificar contenidos de una página web (p.e. wikis).
- 5) *Quick Rating*: para evaluar un contenido mediante un sistema de puntuación.
- 6) *Reputation*: para evaluar los distintos usuarios que hacen uso de la aplicación, útil para establecer relaciones de confianzas entre los miembros de una comunidad web.
- 7) *Share Content*: para compartir el contenido de una aplicación a otras aplicaciones.
- 8) *Suggestion*: la aplicación sugiere al usuario contenidos u otros usuarios en relación a su perfil y preferencias.
- 9) *Invite*: permite al usuario hacer recomendaciones personales a su círculo de contactos.
- 10) *PublicProfile*: para generar un resumen sobre la información del usuario de acuerdo a su configuración y visible para otros usuarios.
- 11) *Availability*: para informar sobre los usuarios que actualmente se encuentran utilizando la aplicación.
- 12) *Ranking*: otorgar un rango a cada usuario, modificable según alcanza ciertos objetivos.
- 13) *Favorites*: para marcar un contenido favorito para el usuario.
- 14) *Subscription*: para que el usuario se suscriba a cambios que sufra cierto contenido o usuario y sea notificado automáticamente de ellos.

Anexo B.

Detalle del mapa de interacción del usuario Anónimo

6.1.1 Contextos del menú principal y relacionados con “Home”

A continuación se describen cada uno de los contextos de interacción del la Ilustración 6.

Nombre	<i>Welcome</i>	
Tipo	<input checked="" type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Se accede mediante la opción de menú de primer nivel “Welcome” y es el contexto “home” de la aplicación. Tiene dos zonas: 1. una primera compuesta por un anuncio y una presentación con cuatro apartados, conteniendo varios enlaces: <ul style="list-style-type: none">o al servicio personal de genomao al carrito depositando directamente el productos del enlaceo al contexto de investigación 23andwe	
	2. una segunda zona compuesta de seis subdivisiones: 1. Últimas actualizaciones sobre resultados: los últimos cuatro elementos, con un enlace cada uno al informe completo y un enlace al contexto que los lista todos 2. Descubrimientos de las investigaciones 23andme: los últimos tres y un enlace al contexto que los lista todos 3. Últimas entradas de twitter y un enlace a su listado completo 4. Temas populares: una lista con un enlace por elemento que lleva a su informe completo y un enlace que lleva al contexto que los lista todos los informes de salud 5. Lecturas adicionales: <ul style="list-style-type: none">a. Iniciativas de investigación: parkinson, embarazo y sarcomab. Ciencia, con enlaces al consejo científico y a la carta abierta a la comunidad científica	
	6. Recursos: enlace para recursos médicos y otro para la legislación GINA	
URL	https://www.23andme.com/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
How it Works::	Personal Genome Service	

Health:: Health Reports Complete List	see all, see all 198 topics
Health:: Health Report Sample	Varios enlaces con nombres de enfermedades
How it Works:: 23andme Research Findings	see all y varios enlaces con nombres de descubrimientos
23andme Parkinson Community	Parkinson's Disease
Pregnancy Community	Pregnancy
23andme Sarcoma Community	Sarcoma
About Us:: Scientific Advisory Board	Scientific Advisory Board
How it Works:: for Scientists	Read our open letter to the scientific community
How it Works:: for Physicians	Read our open letter to the medical community
void:: GINA	Learn how the Genetic Non-Discrimination Act protects your genetic privacy
How it Works:: 23andme Research	23andWe

Nombre	<i>23andme Sarcoma Community</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática desde la que se puede acceder a todos los contextos de primer nivel de la aplicación, aunque no tenga el menú principal en su modo explícito.	
URL	https://www.23andme.com/sarcoma/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> Sarcoma Form Welcome 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sarcoma Form	Get involved	

Nombre	<i>Sarcoma Form</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario fuera de la estructura normal de la aplicación ya que no incluye el menú principal.	
URL	https://www.23andme.com/sarcoma/codereg/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> Sarcoma Community 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Sarcoma Community	www.23andme.com/sarcoma	

Nombre	<i>GINA</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática totalmente aislada de la aplicación 23andme (void)	
URL	https://www.23andme.com/you/faqwin/gina/	
Alcanzables desde		
Nombre Contexto		
How it works::How it works		
Welcome		

Nombre	<i>Ancestry</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Subsistema sobre el servicio para encontrar familiares, antiguos linajes y orígenes mediante el ADN	

Nombre	<i>Health</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Subsistema sobre el servicio que proporciona la información relacionada con la salud contenida en el ADN	

Nombre	<i>How it Works</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Subsistema sobre el servicio que ofrece 23andme.	

Nombre	<i>Store</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto siempre accesible con el carrito de la compra, también con un enlace al servicio personal de genoma.</p> <p>Por cada elemento en el carrito muestra su precio, su cantidad y el total, sumando el total de todos los elementos al final. Si la cantidad de un elemento cambia, cambia el total de ese elemento y el de la suma, pero si la nueva cantidad es cero, el elemento se elimina de la lista restando su total de la suma.</p> <p>Incluye enlaces para añadir un nuevo producto al carrito de cada tipo:</p> <ol style="list-style-type: none"> 3. 99\$ + 9\$/month (12 meses comprometidos) 4. 399\$ (sin compromiso) 5. 207\$ (incluidos 12 meses de suscripción) <p>Se puede indicar un código de descuento y aplicarlo.</p> <p>El enlace "Checkout" lleva al contexto "Shipping" para registrar la compra</p>	
URL	https://www.23andme.com/store/cart/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Shipping	Checkout	
Personal Genome Service		

Nombre	<i>Shipping</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto accesible desde "Store" pero sólo si el carrito contiene algún producto. Contiene un formulario a rellenar en tres pasos para registrar el pedido y cobrarlo mediante tarjeta de crédito.</p> <p>Sólo incluye el menú inferior y en enlace a la "home" de la aplicación.</p>	
URL	https://www.23andme.com/store/shipping/	
Alcanzable desde	1. Store (con contenido en el carrito)	

Dado que los contextos "23andme Parkinson Community" y "23andme Pregnancy Community" no siguen la misma estructura que el resto, sus relaciones de navegación se han descrito por separado en el anexo.

6.1.2 Contextos del menú inferior

Nombre	<i>Genetics 101</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto que representa un tutorial con contenidos educativos sobre genética, todos de información estática. Tiene un menú lateral con opciones agrupadas en varios temas que divide los contenidos del tutorial para ser más legible, pero que no suponen contextos navegacionales distintos:</p> <p>Genetics</p> <ul style="list-style-type: none"> • What are genes? • What are SNPs? • Where do your genes come from? • What are phenotypes? <p>Human prehistory</p> <ul style="list-style-type: none"> • Human Prehistory: Prologue • Out of (Eastern) Africa • Weathering the Storm <p>Variations</p> <ul style="list-style-type: none"> • Are Warren and Jimmy Buffett related? • Drive: The Story of Muggsy Bogues • Speed Gene: Fact or Fiction? • The Royal Disease <p>Genetics guides</p> <ul style="list-style-type: none"> • Key Words About Ancestry • Key Words About Genetics 	

Nombre	<i>Search</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Muestra los resultados que coinciden con el criterio de búsqueda establecido. Los resultados están paginados y por cada uno se muestra un título con un enlace a su detalle y una breve introducción.</p>	
URL	https://www.23andme.com/search/?search={criterio de búsqueda}	
Contextos Alcanzables		
<p>Todos los resultados llevan a los diferentes contextos relacionados</p>		

Nombre	<i>Register your kit</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario con varios pasos para introducir registrar un kit previamente adquirido. No se puede pasar con este usuario del primer paso donde te pide un código de barras de un kit real.	
URL	https://www.23andme.com/user/claim/	
Alcanzable desde	Demo::Root::Welcome (mapa de interacción usuario demo)	

Nombre	<i>FAQ</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Lista todas las entradas de la FAQ, agrupadas por tema. Cada entrada tiene título y texto. También tiene un enlace para abrir un cliente de correo dirigido al correo de 23andme	
URL	https://www.23andme.com/help/	

Nombre	<i>Login</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario para acceder como usuario registrado mediante un email y una contraseña. Permite ir al contexto para reiniciar la contraseña así como al contexto para registrarse.	
URL	https://www.23andme.com/user/signin/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Reset Password	Forgot your password?	
Sign up	sign up	

Nombre	<i>Reset Password</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario para que 23andme te envíe una nueva contraseña para acceder a una cuenta de usuario registrado.	
URL	https://www.23andme.com/user/password/recover/	
Alcanzable desde	1. Login	

Nombre	<i>Sign up</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Formulario para que un usuario se registre y cree una cuenta demo.	
URL	https://www.23andme.com/user/signup/	
Alcanzable desde	1. Login	

6.1.3 Caso “Pregnancy” y “Parkinson”

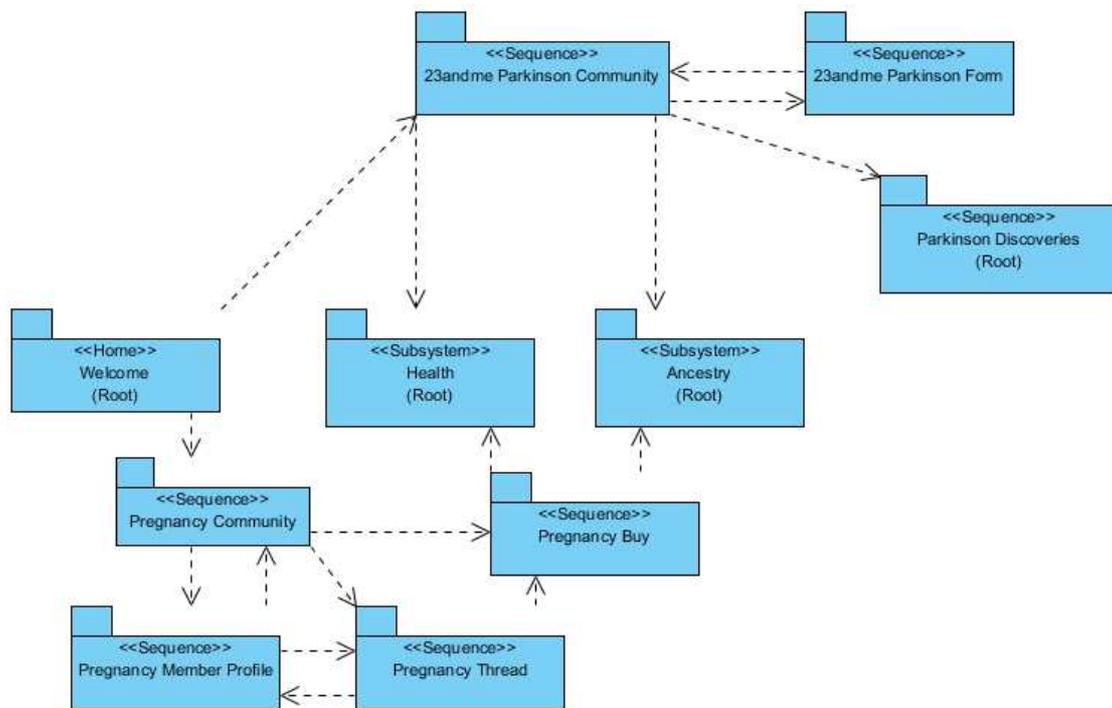


Ilustración 38. Navegaciones Contexto Secuencia "Parkinson Community"

Nombre	<i>23andme Parkinson Community</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Es una página estática que está fuera de la estructura global de la aplicación, ya que no incluye el menú principal, por lo que se han puesto explícitamente las navegaciones a los subsistemas “Health” y “Ancestry” de las que hay enlaces directos a sus contextos “home”.</p> <p>Proporciona enlaces para la descarga de tres PDF.</p>	
URL	https://www.23andme.com/pd/	
Alcance desde	<ol style="list-style-type: none"> Welcome How it works::23andme Research 23andme Parkinson Form (Zona sin menú principal) 	
Contextos Alcanceables		
Nombre Contexto	Alias	
Health::Health	160 other traits and conditions	
Ancestry::Ancestry	ancestry features	
23andme Parkinson Form	filling out this form	
Parkinson Discoveries	Check out our latest Research Discoveries	

Nombre	<i>23andme Parkinson Form</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Formulario para participar en la comunidad 23andme sobre Parkinson.</p> <p>También está fuera de la estructura global de la aplicación porque no incluye el menú principal.</p>	
URL	https://www.23andme.com/pd/codereq/	
Alcance desde	<ol style="list-style-type: none"> 23andme Parkinson Community (Zona sin menú principal) 	
Contextos Alcanceables		
Nombre Contexto	Alias	
23andme Parkinson Community	www.23andme.com/pd	

Nombre	<i>Parkinson Discoveries</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática de la aplicación.	
URL	https://www.23andme.com/pd/research_discoveries/	
Alcance desde	<ol style="list-style-type: none"> 23andme Parkinson Community (Zona sin menú principal) 	

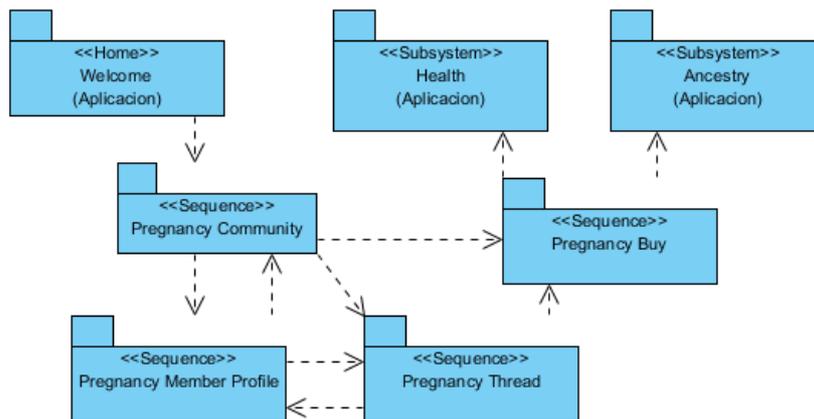


Ilustración 39. Navegaciones Contexto Secuencia "Pregnancy Community"

Nombre	<i>Pregnancy Community</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto fuera de la estructura global de la aplicación, ya que no incluye el menú principal, lo que se ha considerado un error de diseño. Tiene una primera parte estática y una segunda parte donde se listan todos los miembros fundadores y por cada uno se incluye una foto, su apodo con enlace a su perfil y tres enlaces a tres hilos donde ha dejado algún comentario.	
URL	https://www.23andme.com/pregnancy/	
Alcanzable desde	1. Welcome 2. Pregnancy Member Profile (Zona sin menú principal) 3. How it works::23andme Research	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Pregnancy Member Profile	Nombre o foto de los miembros	
Pregnancy Thread	Texto de comentarios de los miembros	
Pregnancy Buy	Learn more	

Nombre	<i>Pregnancy Buy</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática fuera de la estructura global de la aplicación, ya que no incluye el menú principal –considerado un error de diseño, por lo que se han puesto explícitamente las navegaciones a los subsistemas “Health” y “Ancestry” de las que hay enlaces directos a sus contextos “home”.	
URL	https://www.23andme.com/pregnancy/buy/	
Alcanzable desde	1. Pregnancy Community (Zona sin menú principal)	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health	health and traits	
Ancestry	ancestry	

Nombre	<i>Pregnancy Member Profile</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto fuera de la estructura global de la aplicación, ya que no incluye el menú principal, lo que se ha considerado un error de diseño. Tiene una primera parte estática y una segunda parte donde se listan todos los hilos donde ha participado con un enlace cada uno.	
URL	https://www.23andme.com/pregnancy/profile/{nickname}/	
Alcanzable desde	1. Pregnancy Community (Zona sin menú principal) 2. Pregnancy Thread (Zona sin menú principal)	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Pregnancy Thread	Texto de comentarios	
Pregnancy	Back to the Pregnancy Community	

Nombre	<i>Pregnancy Thread</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto fuera de la estructura global de la aplicación, ya que no incluye el menú principal, lo que se ha considerado un error de diseño. Contiene una lista con los comentarios de los miembros respecto a un mismo hilo, distinguiendo quién lo inició y con un enlace al perfil del miembro de cada comentario.	
URL	https://www.23andme.com/pregnancy/profile/{nickname}/	
Alcanzable desde	1. Pregnancy Community (Zona sin menú principal) 2. Pregnancy Member Profile (Zona sin menú principal)	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Pregnancy Member Profile	Foto o nickname del autor de cada comentario	
Pregnancy Buy	Learn more	

6.1.4 Subsistema “Ancestry”

La página “home” del subsistema “Ancestry” no expone ningún submenú de subsistema, pero proporciona 3 enlaces a contextos desde los cuales también se proporcionan enlaces a los otros dos a modo de una especie de pestañas, por lo que actúan como menú del subsistema.

El único contexto de secuencia del subsistema, “Ancestry Techniques” no incluye los enlaces a los contextos de primer nivel del mismo, lo que se considera un error en el diseño de este contexto de secuencia.

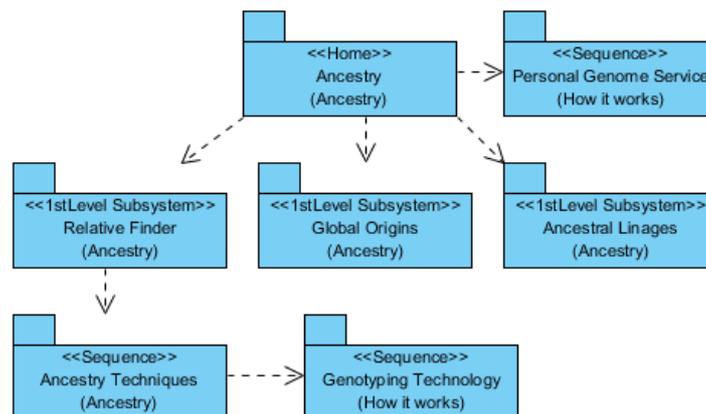


Ilustración 40. Subsistema "Ancestry"

Nombre	<i>Ancestry</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con enlaces a los tres contextos de primer nivel del subsistema y al servicio personal de genoma a través de la presentación gráfica que contiene.	
URL	https://www.23andme.com/ancestry/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Relative Finder	about Relative Finder	
Global Origins	about global origins	
Ancestral Linage	about ancestral lineage	
How it works:: Personal Genome Service		

Nombre	<i>Relative Finder</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática.	
URL	https://www.23andme.com/ancestry/relfinder/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Ancestry Techniques	autosomal DNA	

Nombre	<i>Ancestry Techniques</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática que aunque tiene resaltada la opción "Health" del menú principal no tiene enlaces a los contextos de primer de ese subsistema, lo que se ha considerado un error de diseño.	
URL	https://www.23andme.com/ancestry/techniques/	
Alcanzable desde	1. Health::Relative finder	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
How it works:: Genotyping Technology	genotyping	

Nombre	<i>Global Origins</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática.	
URL	https://www.23andme.com/ancestry/origins/	

Nombre	<i>Ancestral Linages</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática.	
URL	https://www.23andme.com/ancestry/lineage/	

6.1.5 Grupo “Health”

La página “home” del subsistema “Health” no expone ningún submenú de subsistema, pero proporciona 3 enlaces a contextos desde los cuales también se proporcionan enlaces a los otros dos a modo de una especie de pestañas, por lo que actúan como menú del subsistema. Además, desde todos los contextos del subsistema hay algún enlace al contexto que lista todos los informes de salud, por lo que éste también se considera contexto de primer nivel del subsistema.

Las páginas que describen los diferentes informes de salud o los listan, tienen resaltada la entrada “Health” del menú principal pero no permiten acceder al resto de contextos del subsistema, excepto al listado completo de informes en el caso del contexto para el informe de salud; esto se ha considerado un error en el diseño de estas páginas pues se pierde la capacidad de navegación dentro del subsistema.

También se puede considerar un error de diseño no considerar en el menú del subsistema los informes de tipo “Trait”, que se encuentran en todos los listados completos de informes.

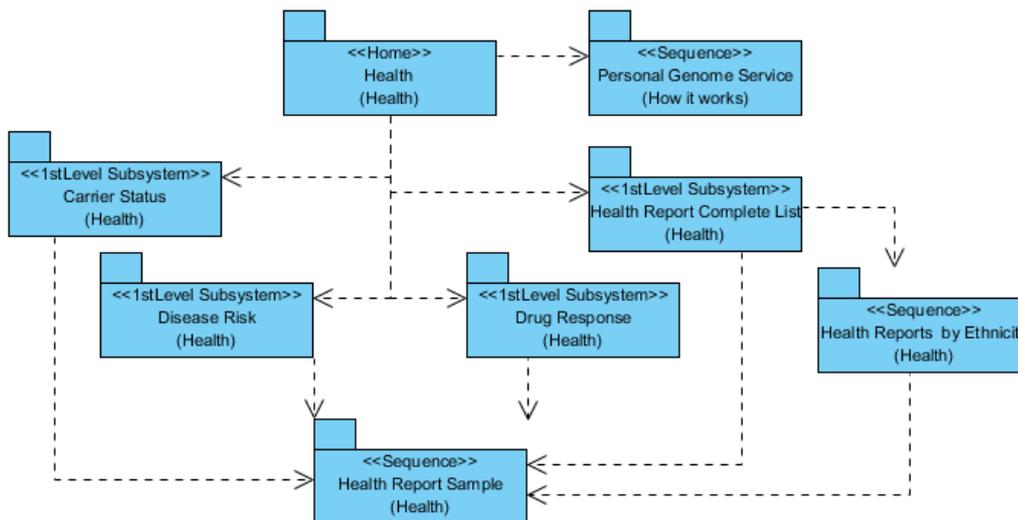


Ilustración 41. Subsistema "Health"

Nombre	<i>Health</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Presenta enlaces a los tres temas de salud (carrier status, disease risks, drug reponse), a la lista completa de informes ejemplo y al servicio personal de genoma, estos dos últimos desde la última parte del gráfico de presentación.	
URL	https://www.23andme.com/health/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Carrier Status	about carrier status	
Disease Risk	about disease risks	
Drug Response	about drug response	
Health Report Complete List	198 diseases and conditions	
How it works:: Personal Genome Service		

Nombre	<i>Carrier Status</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con enlaces a contextos de primer nivel y subsistemas, además de enlaces a un pequeño conjunto de informes ejemplo de esta categoría.	
URL	https://www.23andme.com/health/carrier/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Sample	Diferentes nombres de enfermedades en una pequeña lista	

Nombre	<i>Disease Risk</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con enlaces a los contextos de primer nivel y subsistemas, además de enlaces a un pequeño conjunto de informes ejemplo de esta categoría.	
URL	https://www.23andme.com/health/risks/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Sample	Diferentes nombres de enfermedades en una pequeña lista	

Nombre	<i>Drug Response</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con enlaces a los contextos de primer nivel y subsistemas, además de enlaces a un pequeño conjunto de informes ejemplo de esta categoría.	
URL	https://www.23andme.com/health/drugs/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Sample	Diferentes nombres relacionados con medicamentos en una pequeña lista	

Nombre	<i>Health Report Complete List</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto con los nombres de todos los informes, agrupados por tema (carrier status, disease risk, drug response, trait) con enlace a cada informe. Sólo incluye el enlace a los contextos de secuencia del subsistema.	
URL	https://www.23andme.com/health/all/	
Alcanzable desde	<ol style="list-style-type: none"> 1. Root::Welcome 2. How it works::Personal Genome Service 	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Sample	Diferentes nombres	
Health Reports by Ethnicity	View reports by ethnicity	

Nombre	<i>Health Reports by Ethnicity</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contexto con los nombres de todos los informes, agrupados por tema (carrier status, disease risk, drug response, trait) con enlace a cada informe e indicando a qué etnias son aplicables (European, East Asian, African). No incluye más enlaces a contextos del subsistema.	
URL	https://www.23andme.com/health/ethnicity/	
Alcanzable desde	1. Health::Health Report Complete List	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Sample	Diferentes nombres	

Nombre	<i>Health Report Sample</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Contiene la información sobre un tema de salud en concreto. La información está dividida en pestañas: Example data, How it Works, Technical Report, Timeline, MD's perspective. Sólo la primera pestaña aparece en todos los casos.	
URL	https://www.23andme.com/health/{itemName}/	
Alcanzable desde	1. Todos los contextos del subsistema "Health" menos su "home" tienen enlaces a algún informe 2. Root::Welcome	

6.1.6 Subsistema "How it works"

Este subsistema no es accesible mediante el menú principal aunque éste tenga una entrada con el mismo nombre, puesto que el contexto al que se accede con esa entrada no comparte la estructura del subsistema ni proporciona enlaces para acceder a ninguno de sus contextos.

Se accede a los contextos del subsistema desde distintas partes de la aplicación.

El subsistema tiene un menú lateral con cuatro entradas:

- 23andMe Research
- 23andMe Research Findings
- Physicians
- Scientists

También hay dos contextos de secuencia a los que se accede desde distintas partes de la aplicación que tienen resaltada la opción "How it Works" del menú principal: el contexto de

secuencia “Genotyping Technology” sí incluye el menú del subsistema; el contexto de secuencia “Personal Genome Service” ni comparte el menú del subsistema y sólo incluye un enlace a un contexto del subsistema, a parte de varios enlaces a contextos de los subsistemas “Health” y “Ancestry”.

Por otra parte, el contexto al que se accede mediante la opción “How it Works” del menú principal tiene el título “Using your personal DNA test” pero el encabezado principal de la página es “Personal Genome Service”; sin embargo, el contexto de secuencia “Persona Genome Service” tiene ese texto como título pero como encabezado de la página tiene “Scientific Breakthroughs About Your DNA Every Month”. Claramente es un error de diseño de ambos contextos.

La problemática descrita en los párrafos anteriores es debida al mal diseño de la navegación de 23andme. El mapa de navegación de este subsistema es el que se muestra a continuación.

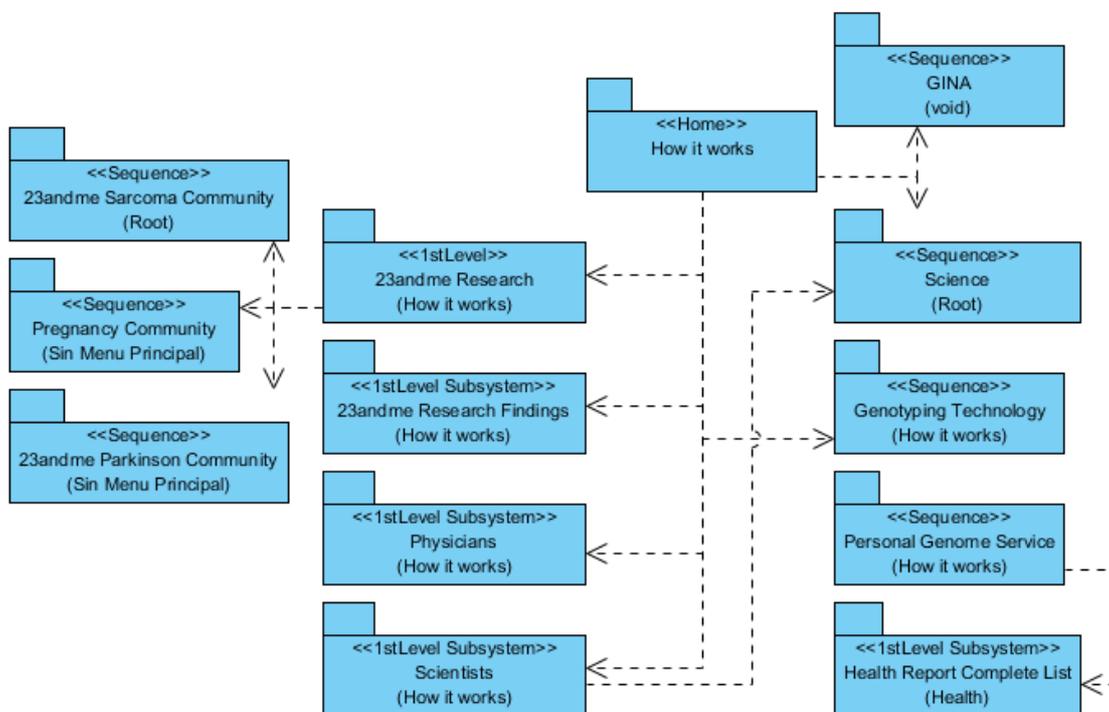


Ilustración 42. Subsistema "How it works"

Nombre	<i>How it Works</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	<p>Contexto que explica los pasos para poder disfrutar del servicio que ofrece 23andme. Es una página estática con textos, gráficos, documentos PDF y enlaces intercalados que llevan a contextos del primer nivel de la aplicación y a los contextos de secuencia "Science" y "GINA" fuera del subsistema.</p> <p>Se ha catalogado como el contexto "Home" del subsistema aunque no se puede acceder desde éste a ningún otro contexto de este subsistema, considerando que es un error de diseño.</p>	
URL	https://www.23andme.com/howitworks/	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
GINA	Click here	
Science	See how we ensure that our research and data meet high scientific standards	

Nombre	<i>23andme Research</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática. Incluye el menú del subsistema del que forma parte.	
URL	https://www.23andme.com/research/	
Alcanzable desde	1. Root::Welcome	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
23andme Parkinson Community	Parkinson's Disease	
Pregnancy Community	Pregnancy:	
23andme Sarcoma Community	Sarcoma	

Nombre	<i>23andme Research Findings</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática que incluye el menú del subsistema del que forma parte.	
URL	https://www.23andme.com/about/factoids/	
Alcanzable desde	1. Root::Welcome	

Nombre	<i>Physicians</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con varios PDFs que incluye el menú del subsistema del que forma parte.	
URL	https://www.23andme.com/for/physicians/	
Alcanzable desde	1. Root::Welcome	

Nombre	<i>Scientists</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con varios PDFs y un enlace a un contexto fuera del subsistema. Incluye el menú del subsistema del que forma parte.	
URL	https://www.23andme.com/for/scientists/	
Alcanzable desde	1. Root::Welcome	
Contextos Alcanzables		
Nombre Contexto	Alias	
Science	Click here	

Nombre	<i>Genotyping Technology</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática. Incluye el menú del subsistema aunque no se puede llegar a este contexto desde ningún otro contexto del subsistema.	
URL	https://www.23andme.com/more/genotyping/	
Alcanzable desde	1. Ancestry::Ancestry Techniques	

Nombre	<i>Personal Genome Service</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática sin el menú del subsistema y un enlace a un contexto fuera el subsistema.	
URL	https://www.23andme.com/pgs/	
Alcance desde	1. Root::Welcome 2. Ancestry::Ancestry 3. Health:: Health 4. Root::Store	
Contextos Alcanceables		
Nombre Contexto	Alias	
Health Report Complete List	198 results	

Nombre	<i>Science</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática sin menú de subsistema y con la entrada “Welcome” del menú principal resaltada, lo que se considera un error de diseño ya que sólo se alcanza desde contextos del subsistema “How it works”.	
URL	https://www.23andme.com/more/science/	
Alcance desde	1. How it Works::How it works 2. How it Works::Scientists	

6.1.7 Subsistema “About”

Este subsistema no tiene un enlace de primer nivel para poder acceder a él. Se accede a partir de varios enlaces de primer nivel situados en el menú inferior que llevan a diferentes contextos de este subsistema. Por consiguiente, el subsistema no tiene contexto “home”.

Tiene un menú lateral con opciones agrupadas en dos temas:

About 23andme

1. Team 23andme
2. News
3. Core Values
4. Policy Forum
5. Corporate Info
6. Jobs

Who we are

1. Board of directors
2. Editorial advisors
3. Scientific Advisory Board

No hay “home” en el subsistema y a los distintos contextos se accede desde varias partes de la aplicación.

Además, agrupa los contextos de primer nivel de la aplicación situados en el menú inferior pero que no corresponden con ninguna entrada del menú lateral del subsistema, excepto “Jobs”, “News” y “About us” que corresponde con “Team 23andme”.

Todos son páginas estáticas menos “News”.

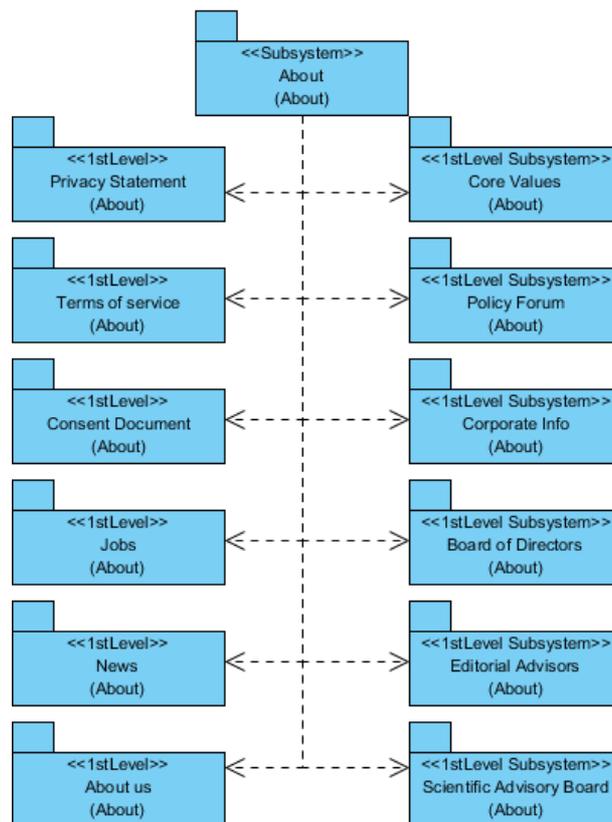


Ilustración 43. Subsistema “About”

Nombre	<i>Terms of service</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con los términos del servicio. Sin correspondencia en menú lateral, lo que se considera un error de diseño de este menú. Accesible desde el menú inferior.	
URL	https://www.23andme.com/about/tos/	

Nombre	<i>Privacy Statement</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con las cláusulas de privacidad. Sin correspondencia en menú lateral, lo que se considera un error de diseño de este menú. Accesible desde el menú inferior.	
URL	https://www.23andme.com/about/privacy/	

Nombre	<i>Consent Document</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con las cláusulas de consentimiento. Sin correspondencia en menú lateral, lo que se considera un error de diseño de este menú. Accesible desde el menú inferior.	
URL	https://www.23andme.com/about/consent/	

Nombre	<i>About us</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática. Accesible desde el menú inferior. Correspondencia con la entrada "Team 23andme" del menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/	

Nombre	<i>Jobs</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática. Accesible desde el menú inferior. Con entrada en menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/jobs/	

Nombre	<i>News</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página con entrada en el menú lateral. Accesible desde el menú inferior. Muestra el enlace al blog, los datos de contacto para los medios, una lista con notas de prensa (fecha y titular con enlace al contenido de la noticia) y una lista con las coberturas en los medios (titular con enlace externo, medio y fecha)	
URL	https://www.23andme.com/about/news/	

Nombre	<i>Scientific Advisory Board</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/advisors/	
Alcanzable desde	1. Root::Welcome	

Nombre	<i>Core Values</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/values/	

Nombre	<i>Policy Forum</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/policy/	

Nombre	<i>Corporate Info</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/corporate/	

Nombre	<i>Board of directors</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/board/	

Nombre	<i>Editorial Advisors</i>	
Tipo	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
Descripción	Página estática con entrada en el menú lateral.	
URL	https://www.23andme.com/about/editorial/	