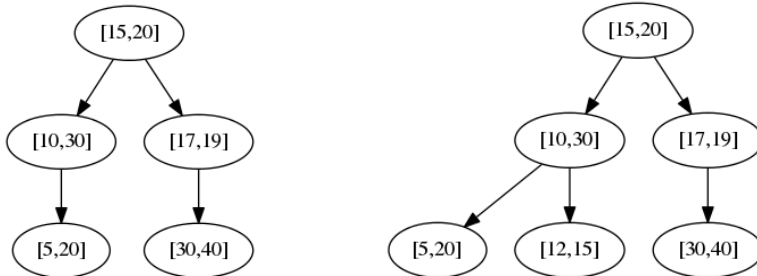


1 Intervallbaum-Index

1. Intervalle einfügen:

Das Intervall muss im Baum an der richtigen Stelle eingefügt werden und der Baum muss gegebenenfalls neu balanciert werden (z.B. wie ein AVL-Baum).

Bsp.: Einfügen des Intervalls [12,15]



2. Intervall mit Startpunkt > Endpunkt einfügen:

Wenn ein Intervall (S,E) mit $S > E$ eingefügt wird, dann sollte unser Programm eine Fehlermeldung ausgeben und darauf hinweisen, dass die Grenzen für das Intervall nicht korrekt sind.

Bsp.: Einfügen des Intervalls [20,10] in einen beliebigen Baum.

3. Intervall mit Start- bzw. Endpunkt außerhalb des betrachteten Zahlenbereichs:

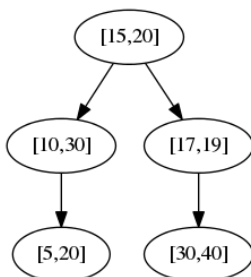
Wenn ein Intervall in dem Baum eingefügt werden soll, das teilweise oder vollständig außerhalb unseres Zahlenbereichs liegt (Länge des Genoms), dann muss es eine Fehlermeldung geben, die dem Nutzer mitteilt, dass der gültige Zahlenbereich überschritten wurde.

Bsp.: Einfügen des Intervalls [-5,7] in einen beliebigen Baum.

4. Schon vorhandenes Intervall einfügen:

Duplikate sollen von unserem Baum nicht gespeichert werden, d.h. es wird kein neuer Knoten hinzugefügt, sondern die Informationen (bei uns also Pointer auf Dateien) des neuen Knotens müssen im bereits vorhandenen Knoten mitgespeichert werden.

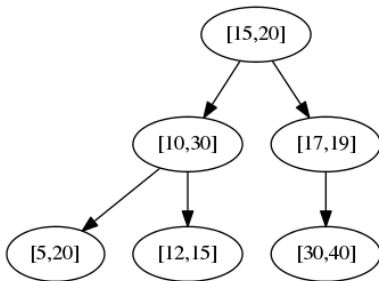
Bsp.: Einfügen des Intervalls [15,20] in den folgenden Baum



5. Suche nach vorhandenem Intervall:

Bei der Suche sollen alle Intervalle ausgegeben werden, die das gesuchte Intervall in irgendeinem Punkt überlappen.

Bsp.: Suche im folgenden Baum



Suche [4,5] \Rightarrow gib [5,20] aus

Suche [25,35] \Rightarrow gib [10,30] und [30,40] aus

Suche [20,20] \Rightarrow gib [15,20] und [5,20] aus

2 QueryReceiver

2.1 Testfall 1 - erfolgreiche Intervallanfrage ohne Metadaten

Eingabe

```
{
  "source": The Cancer Atlas, \usepackage[utf8]{inputenc}
  "chromosome": 3,
  "position": {"from": 100, "to": 200},
  "zoom": 1,
  "subindex": ,
  "hasDetail": (false)
}
```

Ausgabe

```
{
  {
    "source:" The Cancer Atlas,
    "chromosome": 3,
    "position": {"from": 100, "to": 200},
    "details": { "refseq": ,
      "mutations": [{ "name": ,
        "position": {"from": , "to": },
        "metadata":
      },]],
    "graph": {
      { "subintervall": Anzahl der Subintervalle,
        "counts": Anzahl der Ergebnisse
      }
    }
  }
}
```

```
}
```

2.2 Testfall 2 - erfolgreiche Intervallanfrage mit Metadaten

Eingabe

```
{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "position": {"from": 100, "to": 200},
  "zoom": 1,
  "subindex": ,
  "hasDetail": (true)
}
```

Ausgabe

```
{
  {
    "source:" The Cancer Atlas,
    "chromosome": 3,
    "position": {"from": 100, "to": 200},
    "details": { "refseq": Referenzsequenz,
                  "mutations": [{Mutation1},{Mutation2},...]},
    "graph": {
      { "subintervall": ,
        "counts":
      }
    }
  }
}
```

2.3 Testfall 3 - Intervallanfrage mit leerer Ergebnismenge

Eingabe

```
{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "position": {"from": 100, "to": 200},
  "zoom": 1,
  "subindex": ,
  "hasDetail": (true)
}
```

Ausgabe

```
{
  {
    "source:" The Cancer Atlas,
    "chromosome": 3,
    "position": {"from": 100, "to": 200},
    "details": { "refseq": ,
                  "mutations": ...},
  }
}
```

```

    "graph": {
      { "subintervall": ,
        "counts":
      }
    }
  }
}

```

2.4 Testfall 4 - erfolgreiche Namensanfrage

Eingabe

```

{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "search": "Gen im Cancer Atlas"
}

```

Ausgabe

```

{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "search": "Gen im Cancer Atlas",
  "position": {"from": Startposition, "to": Endposition}
}

```

2.5 Testfall 5 - Namensanfrage mit leerer Ergebnismenge

Eingabe

```

{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "search": "Gen, dass nicht im Cancer Atlas ist"
}

```

Ausgabe

```

{
  "source": The Cancer Atlas,
  "chromosome": 3,
  "search": "Gen im Cancer Atlas",
  "position": " "
}

```

2.6 Testfall 6 - fehlerhafte Anfrage

Eingabe

```

{
  "source": ""
}

```

Ausgabe

```
{  
  "answer": "unknown format"  
}
```