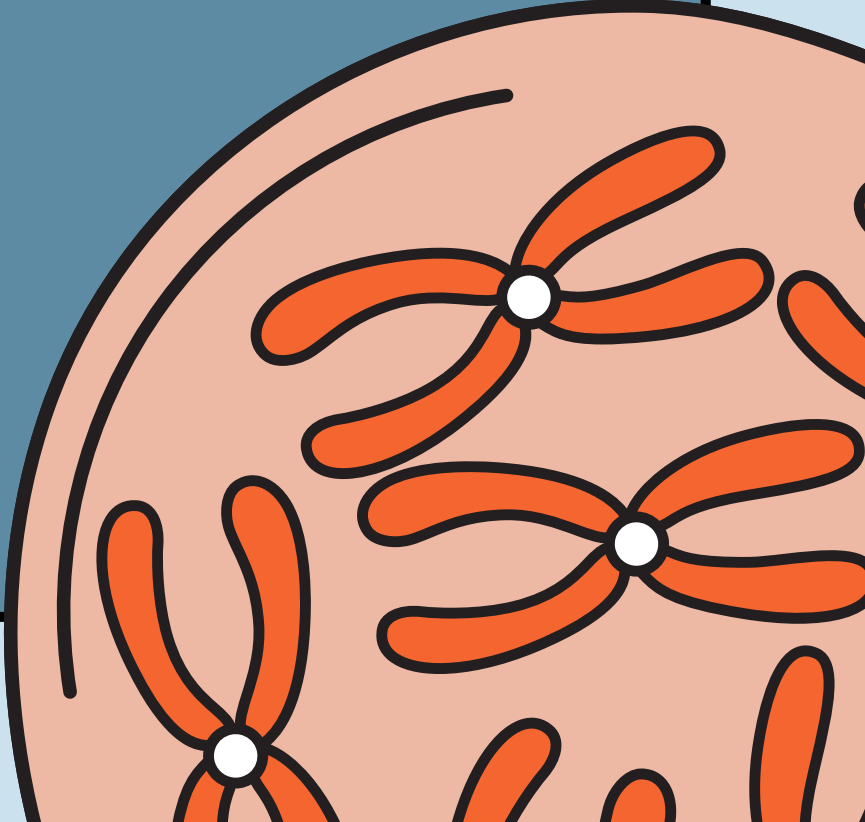




ADNOTACJA WARIANTÓW

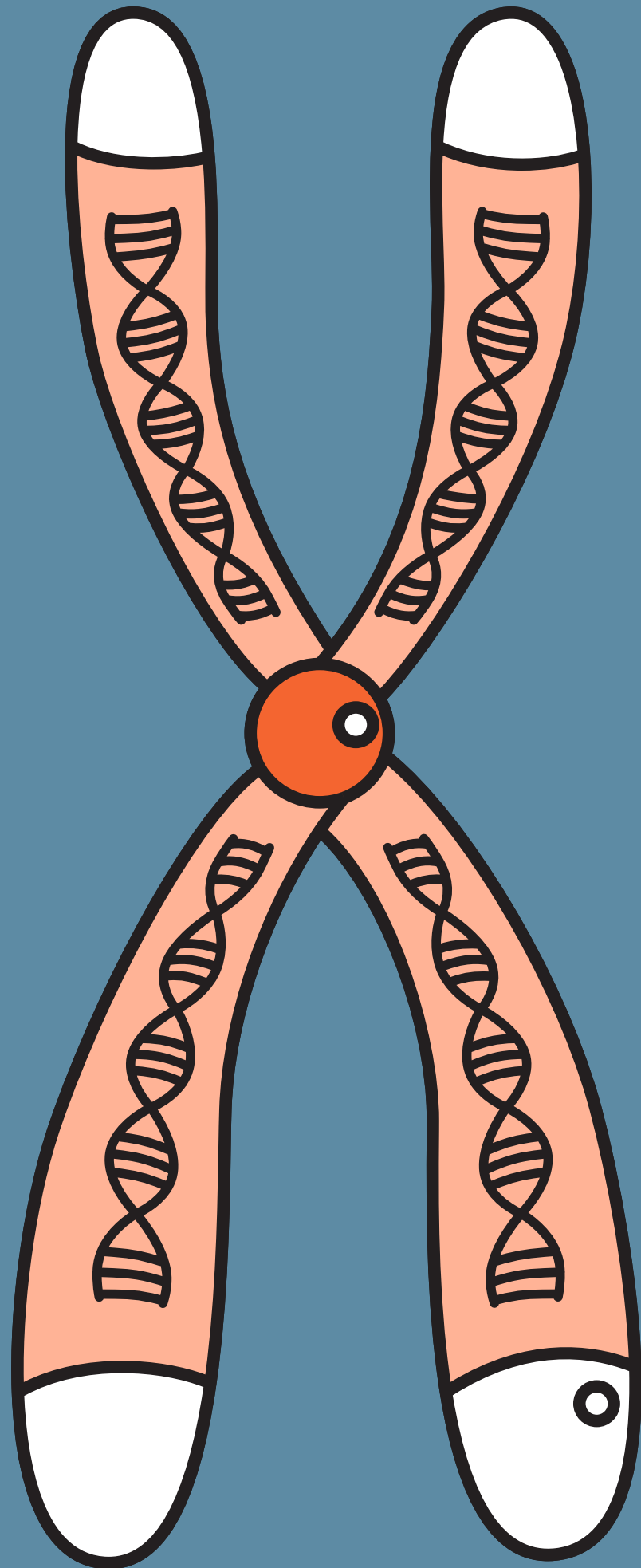
Zespół: "Ale to ty dzwonisz"





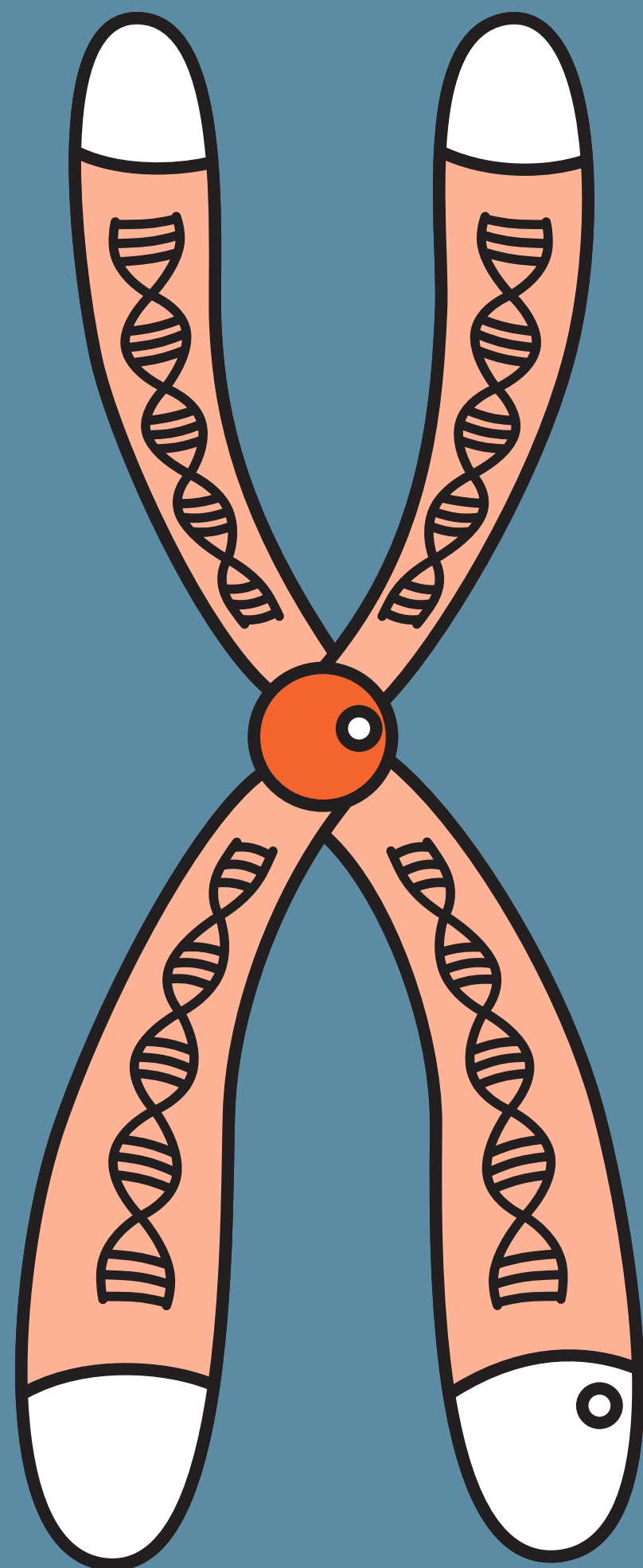
CEL PROJEKTU

- ułatwienie diagnostyki medycznej
- szybka ocena patogenności wariantu
- wsparcie pracy laboratoriów medycznych



NEXT-GENERATION SEQUENCING

- ogromne wolumeny danych
- medycyna personalizowana
- równoległa wielowymiarowa analiza



PROBLEM

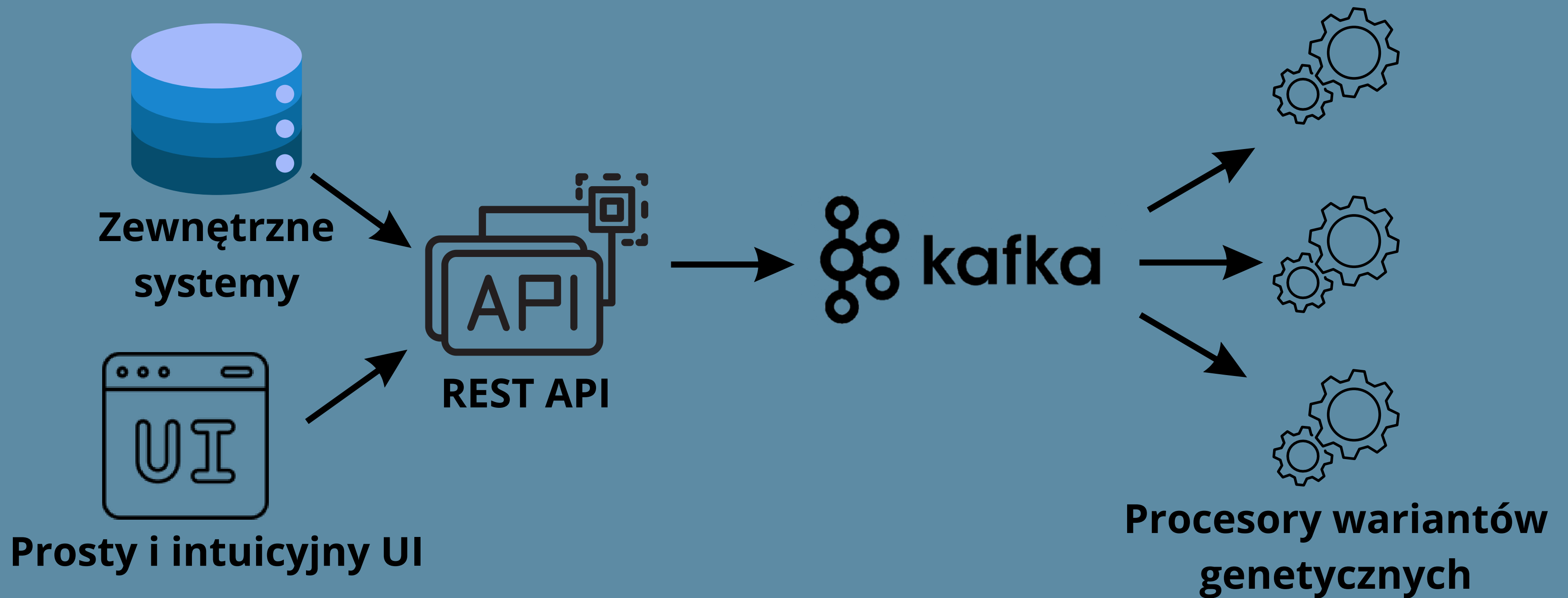
- skomplikowany proces adnotacji
- wiele algorytmów
- potrzeba podłączenia pod istniejące pipeline'y
- brak podobnych narzędzi na rynku



ROZWIAZANIE

- prosty interfejs
- możliwość równoległego przetwarzania dużej ilości danych
- skalowalność

PRODUKT



Panel adnotacji



Choose File

No file chosen

Załaduj plik

Adnotuj

- ☒ PANGOLIN
- ☒ SPiP
- ☒ TEST

Adnotacje

Wyniki

Krótki przewodnik

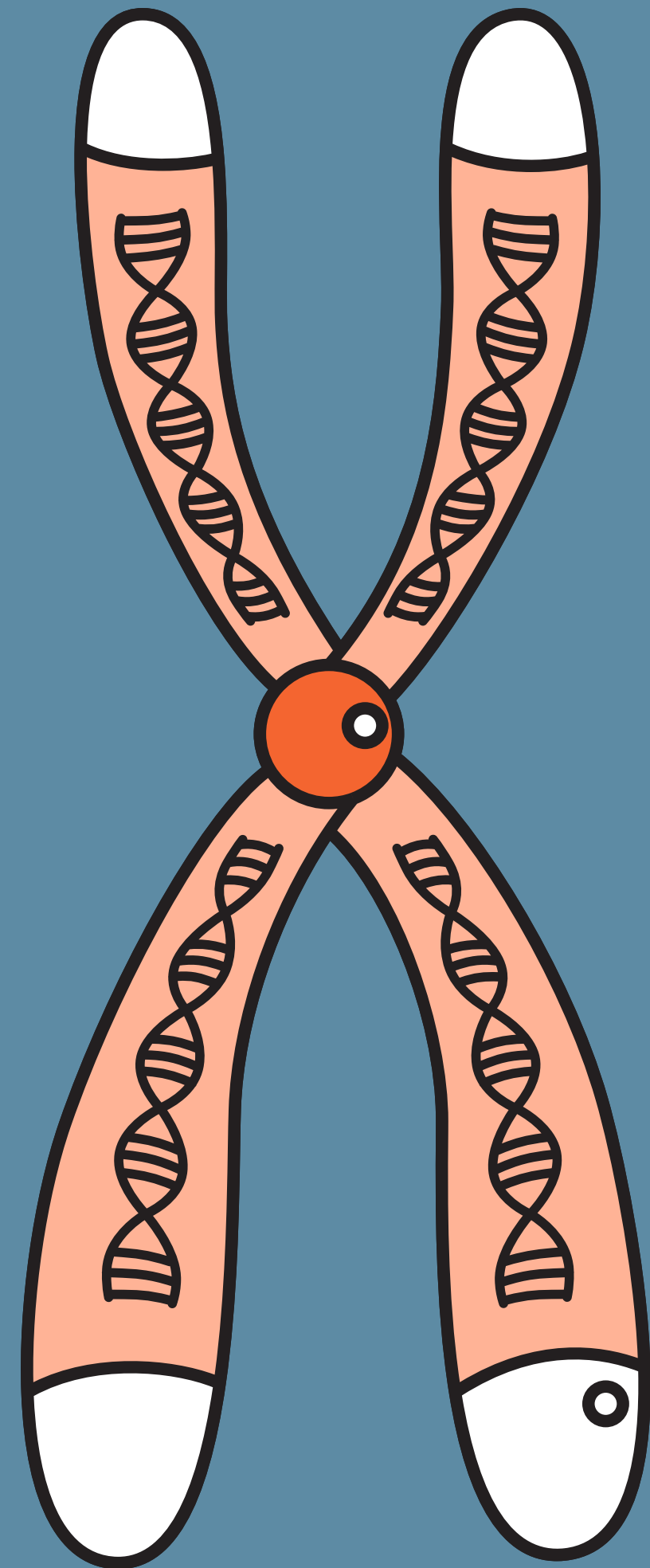
W celu zaadnotowania pliku, kliknij przycisk **Załaduj plik** i wybierz plik, który chcesz zaadnotować

Wybierz algorytmy zaznaczając odpowiednie checkboxy, po czym kliknij przycisk **Adnotuj**

Poniżej znajduje się przykładowy plik csv, który można poddać adnotacji. Widać w nim strukturę kolumn i przykładowe dane:

GENE	#CHROM	POS	REF	ALT
BRCA1	17	41276135	T	G
BRCA1	17	41276135	C	T

Po zakończeniu działania możesz przejść do zakładki **Wyniki** i pobrać plik z zaanotowanymi wariantami



ZESPÓŁ

Podział pracy

Kompetencje

OCENY EKSPERTÓW

<input type="checkbox"/>	POZYCJA WSTAWIONA RĘCZNIE Architektura	0,00 %	Neutralna	Nieakceptowalna– Wyróżniająca	66,7 %
<input type="checkbox"/>	POZYCJA WSTAWIONA RĘCZNIE Bazy danych	0,00 %	Neutralna	Nieakceptowalna– Wyróżniająca	66,7 %
<input type="checkbox"/>	POZYCJA WSTAWIONA RĘCZNIE Oprogramowanie	0,00 %	Neutralna	Nieakceptowalna– Wyróżniająca	66,7 %
<input type="checkbox"/>	POZYCJA WSTAWIONA RĘCZNIE UX	0,00 %	Neutralna	Nieakceptowalna– Wyróżniająca	66,7 %

DZIEKUJEMY ZA UWAGĘ



ALE TO TY DZWONISZ?!

ADNOTACJE

Szybko i skutecznie oceń patogenność wariantu splicingowego!!!

Algorytmy Pangolin, SPIP i inne

Obsługa plików vcf i csv

Prosty interfejs i możliwość integracji