ЈАСОВІ 4: АРХИТЕКТУРА. ГРАФИЧЕСКИЙ ИНТЕРФЕЙС

И. А. Штайгер Институт цитологии и генетики СО РАН Новосибирский государственный университет

В молекулярной биологии и медицине широко используется технология, основанная на многомерном анализе данных об экспрессии генов.

В настоящее время существует несколько некоммерческих пакетов для обработки таких данных, однако ни один из них не предоставляет полного набора функций, которые требуются для обработки. Поэтому чаще всего биологи используют сразу несколько пакетов, что приводит к потере времени. Коммерческие пакеты, в свою очередь, имеют слишком высокую стоимость, и, следовательно, доступны далеко не всем учёным-биологам. Кроме того, многие из них имеют достаточно сложный интерфейс.

Программный комплекс JACOBI 4 спроектирован таким образом, чтобы пользователи, обладающие небольшим опытом работы с ПК, могли быстро научиться работать с ним. Язык JACOBI 4 адаптирован для пользователей, не имеющих опыта в программировании, и хорошо подходит для сборки скрипта из различных блоков.

В то же время, опытные пользователи могут без труда изменять конфигурацию комплекса и добавлять новый функционал через подсистему поддержки целостности, а так же создавать свои скрипты и подпрограммы.

Для обновления спроектирован версии пакета механизм пользовательскую синхронизации, который позволяет сохранить конфигурацию при изменении пакета. Кроме того, в архитектуру пакета входит подсистема документации, которая позволит поддерживать справку в актуальном состоянии при изменении конфигурации через подсистему поддержки целостности.

Всего в пакете JACOBI 4 предусмотрено 4 подсистемы: поддержи целостности, документации, тестирования встраиваемых модулей, синхронизации, а так же головной модуль, реализующий взаимодействие с пользователем.

Интерфейс JACOBI 4 сейчас находится на стадии адаптации: происходит корректировка текущей версии по мере получения отзывов пользователей

Научный руководитель – д-р биол. наук, доцент В. М. Ефимов