

# Тестовое задание frontend (Vue3)

## Стек технологий

Vue3 (желательно Composition API), JS/TS. По возможности без использования Bootstrap/Tailwind и других библиотек стилей и компонентов типа Vuetify. Сборщик, если потребуется, можно взять любой современный.

## Описание

Есть приложение для работы с данными таргетного секвенирования(1). Необходимо в него добавить фрагмент отвечающий за представление результатов конкретного анализа.

Результаты анализа разбиты по нескольким вкладкам, нужно реализовать только одну - вкладку с найденными у пациента генетическими вариантами(2).

Каждый вариант представлен таким набором данных:

```
{ "leftAnchorContig" : "chr7", -- Хромосома на которой находится вариант
"leftAnchorPosition" : 117120148, -- Левая координата варианта на
хромосоме "rightAnchorPosition" : 117120150, -- Правая координата
варианта на хромосоме "alleleSequence" : "G", -- Последовательность
варианта (то, что нашли у пациента) "referenceSequence" : "A", --
Последовательность в референсном геноме "alleleName" : "M1V", -- Имя, под
которым этот генетический вариант известен генетикам "hgvs" : { -- Запись
варианта в 3 формах номенклатуры HGVS "g": "g.117120149A>G", "c":
"c.123A>G", "p": "p.123Ter" }, "genotype" : "HETEROZYGOTE", -- Генотип
варианта "significance" : "PATHOGENIC", -- Значимость варианта, может ли
он привести к развитию заболевания "externalSourceEntries" : [{ -- Записи
о варианте во внешних источниках "id" : "c.1A>G", "link" : null,
"database" : { "name" : "CFTR-France", "version" : "26.01.2018",
"category" : "LOCUS SPECIFIC" }, "significance" : "UNKNOWN" }, { "id" :
"53423", "link" :
"https://preview.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/variation/53423", "database" :
{ "name" : "Clinvar", "version" : "02.10.2017", "category" : "COMMON" },
"significance" : "PATHOGENIC" }, { "id" : "5", "link" :
"http://genet.sickkids.on.ca/MutationDetailPage.external?sp=5",
"database" : { "name" : "CFTR1", "version" : "14.02.2017", "category" :
"LOCUS SPECIFIC" }, "significance" : "UNKNOWN" }, { "id" : "rs397508328",
"link" : null, "database" : { "name" : "CFTR2", "version" : "14.02.2017",
"category" : "LOCUS SPECIFIC" }, "significance" : "UNKNOWN" }], }
```

Пользователей приложения интересуют:

- значимость
- имя варианта
- генотип
- запись варианта в номенклатуре HGVS.
- внешние источники в которых он представлен

Возможные значения значимости вариантов: "PATHOGENIC", "LIKELY\_PATHOGENIC", "BENIGN", "UNDEFINED", "UNCERTAIN", "LIKELY\_BENIGN"

Возможные значения генотипа: "HETEROZYGOTE", "HOMOZYGOTE"

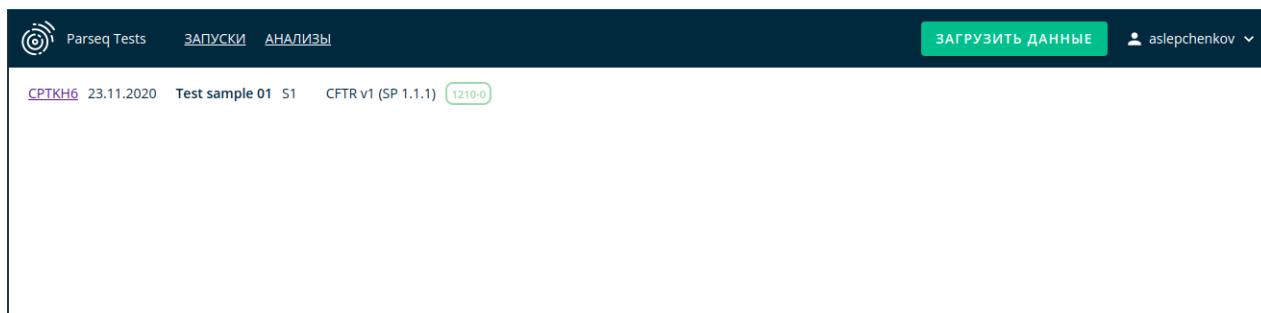
Предположим, что у пациента может быть найдено до 800 таких вариантов.

Хотелось бы уметь их фильтровать по:

- значимости
- генотипу
- имени варианта
- HGVS номенклатуре

Также пользователи после просмотра результатов хотят скачать отчет, написав к нему комментарий. Эта часть можно реализовать при наличии желания, но стоит учитывать необходимость ее размещения при дизайне.

Вид приложения с панелью навигации и метаданными анализа:



Остальное место можно использовать для реализации вкладки с генетическими вариантами. Не забывайте, что будут и другие вкладки с другими результатами этого же анализа (на них тоже будут какие-то фильтры и так далее).

Разрешение экрана ~ 1920 на 1080.

Файл с вариантами variants.json.

Решение залить на гитхаб/гитлаб.

## Общая информация:

1. Таргетное секвенирование позволяет сосредоточиться на конкретных областях генома или отдельных генах. Этот метод применяется тогда, когда у пациента есть подозрение на какое либо генетическое заболевание с известной молекулярной этиологией. В таких случаях достаточно установить структуру только одного гена или некоторых его участков, так называемых горячих точек, где наличие мутации наиболее вероятно.
2. Генетический вариант — это современный нейтральный термин, который используется вместо менее удачного, хотя и более привычного, термина “мутация”. Генетические варианты — это все те участки ДНК, которые отличают геном данного конкретного индивида от некоего усредненного генома человека. Далеко не все генетические варианты являются патогенными и клинически значимыми; подавляющее большинство вариантов не приводят к заболеваниям и отвечают за отличие одного человека от другого, либо вообще никак не проявляются.