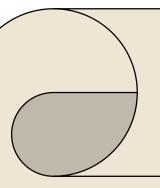
# FASTQ Visualisatie



## FASTQ

@HWI-EAS\_4\_PE-FC20GCB:2:1:492:573/2 ACAGCAAAATTGTGATTGAGGATGAAGAACTGCTGT

AA7AAA3+AAAAAA.AAA.;7;AA;;;\*;<1;<<<
@HWI-EAS\_4\_PE-FC20GCB:2:1:353:708/2
AATACTGATTGTTAGTTAATTTATATTAAGTAGCGC

AAAAAAAAAAAAAAAA?AA>AAA>AA???>//<9+
@HWI-EAS\_4\_PE-FC20GCB:2:1:289:559/2
TGTTAACAAACAAGGAGAAAAACAGTATGAAACACGG

AAAAAA\*AAAA.AAAAAAAAAAAAAAA;.<6&<:
@HWI-EAS\_4\_PE-FC20GCB:2:1:386:461/2
CGTAACTTCCTGGACCGACGTACTGCCAGAATTCGG

AAAAAA5AAAA?5;A?A5AA;AAA.AA3+;.-;?;

### Materiaal

- Pyhton
- Flask
- Jinja
- Matplotlib
- HTML
- CSS

## Inleiding

Bij dit project was het de bedoeling om een website te maken die van een FASTQ-bestand een grafiek kan maken. Een FASTQ-bestand (zie links) bevat de kwaliteitsinformatie van een gen-sequentie en wordt vaak gebruikt als de standaard voor het opslaan voor deze informatie. De website maakt gebruik van meerdere middelen om de scores uit zo'n bestand weer te geven in een mooie grafiek.

### Methode

Na het schrijven van een project proposal werd de website gemaakt. Met gebruik van HTML en CSS heeft de site vorm gekregen en vervolgens is Flask gebruikt om het uploaden en verwerken van bestanden mogelijk te maken. Jinja is een tool dat het makkelijker maakt om meerdere pagina's te maken op de website. Ten slotte bevat matplotlib de benodigde functies voor het visualiseren van de data. Al deze elementen zijn samengekomen tot een webapp.

## Resultaten

Het resultaat is een website die een FASTQ omzet naar een grafiek met boxplots (zie rechts).

Ik ben tevreden over het eindresultaat al had ik nog wel graag wat extra functies toe willen voegen.

