

Politechnika Warszawska

WYDZIAŁ ELEKTRONIKI
I TECHNIK INFORMACYJNYCH



Instytut Informatyki

Praca dyplomowa inżynierska

na kierunku Informatyka
w specjalności Inżynieria Systemów Informatycznych

Przeglądarka danych uzyskanych z sekwencjonowania następnej
generacji (NGS)

Tomasz Kogowski

Numer albumu 261428

promotor
dr inż. Tomasz Gambin

Warszawa 2017

Streszczenie

Abstract



„załącznik nr 3 do zarządzenia nr 24/2016 Rektora PW

.....
miejscowość i data

.....
imię i nazwisko studenta

.....
numer albumu

.....
kierunek studiów

OŚWIADCZENIE

Świadomy/-a odpowiedzialności karnej za składanie fałszywych zeznań oświadczam, że niniejsza praca dyplomowa została napisana przeze mnie samodzielnie, pod opieką kierującego pracą dyplomową.

Jednocześnie oświadczam, że:

- niniejsza praca dyplomowa nie narusza praw autorskich w rozumieniu ustawy z dnia 4 lutego 1994 roku o prawie autorskim i prawach pokrewnych (Dz.U. z 2006 r. Nr 90, poz. 631 z późn. zm.) oraz dóbr osobistych chronionych prawem cywilnym,
- niniejsza praca dyplomowa nie zawiera danych i informacji, które uzyskałem/-am w sposób niedozwolony,
- niniejsza praca dyplomowa nie była wcześniej podstawą żadnej innej urzędowej procedury związanej z nadawaniem dyplomów lub tytułów zawodowych,
- wszystkie informacje umieszczone w niniejszej pracy, uzyskane ze źródeł pisanych i elektronicznych, zostały udokumentowane w wykazie literatury odpowiednimi odnośnikami,
- znam regulacje prawne Politechniki Warszawskiej w sprawie zarządzania prawami autorskimi i prawami pokrewnymi, prawami własności przemysłowej oraz zasadami komercjalizacji.

Oświadczam, że treść pracy dyplomowej w wersji drukowanej, treść pracy dyplomowej zawartej na nośniku elektronicznym (płycie kompaktowej) oraz treść pracy dyplomowej w module APD systemu USOS są identyczne.

.....
czytelny podpis studenta”

Spis treści

1 Wstęp	6
1.1 Motywacja	6
1.2 Cel pracy	6
2 Podstawy teoretyczne	7
3 Wymagania funkcjonalne i нефункционалне	8
4 Istniejące rozwiązania	9
5 Wybór technologii	10
5.1 Język programowania Scala	10
5.2 System zarządzania bazą danych PostgreSQL	10
5.3 Platforma programistyczna Play	10
6 Przypadki użycia	11
6.1 Autoryzacja	11
6.1.1 Role	11
6.1.2 Rejestracja użytkownika	11
6.1.3 Logowanie użytkownika	11
6.2 Przeglądanie danych z sekwencjonowania DNA	11
6.2.1 Widok listy dostępnych próbek	11
6.2.2 Ekran dostępnych genomów	11
6.2.3 Filtrowanie danych	11
6.3 Panel administratora	11
6.3.1 Zarządzanie filtrami	11
6.3.2 Zarządzanie rolami użytkowników	11
6.3.3 Zarządzanie widocznością próbek dla użytkowników . .	11
7 Schemat bazy danych	12
8 Opis implementacji	13
9 Bezpieczeństwo aplikacji	14
9.1 Niebezpieczeństwa	14
9.2 Wykorzystanie protokołu https	14

10 Testy oraz wydajność	15
11 Wnioski i podsumowania	16
Literatura	16

1 Wstęp

1.1 Motywacja

1.2 Cel pracy

2 Podstawy teoretyczne

Czy jest sens pisać o tym? 1-2 strony o tym czym jest DNA, genomu, kodony, jak zmiana w DNA może wpływać na organizm i dlaczego warto zajmować się badaniem DNA

3 Wymagania funkcjonalne i нефункционалне

Opisanie o wymaganiu dostępu do próbek oraz transkryptów, filtracji, zapisywaniu wyboru filtrów, wyboru widocznych kolumn, sortowania, filtrowania pobranych już danych.

Parę wymagań нефункционалных jak dostęp wielu użytkowników na raz, czas odpowiedzi itp.

4 Istniejące rozwiązania

Exac broad institute, Exac Harvard Skupić się na tym iż systemy nie pozwalają na personalizację interfejsu dla użytkownika. Harvard udostępnia REST API nieprzyjazne użytkownikowi

Czy dodać tu zdjęcia z tych aplikacji?

5 Wybór technologii

5.1 Język programowania Scala

zalety i wady

5.2 System zarządzania bazą danych PostgreSQL

zalety i wady

5.3 Platforma programistyczna Play

zalety i wady, trochę więcej o aplikacjach przeglądarkowych i dlaczego z tej technologii chcemy korzystać

6 Przypadki użycia

Opis każdej funkcjonalności oraz zdjęcia. Czy skupić się bardziej na opisie działania aplikacji czy raczej implementacji?

6.1 Autoryzacja

6.1.1 Role

6.1.2 Rejestracja użytkownika

6.1.3 Logowanie użytkownika

6.2 Przeglądanie danych z sekwencjonowania DNA

6.2.1 Widok listy dostępnych próbek

6.2.2 Ekran dostępnych genomów

6.2.3 Filtrowanie danych

6.3 Panel administratora

6.3.1 Zarządzanie filtrami

6.3.2 Zarządzanie rolami użytkowników

6.3.3 Zarządzanie widocznością próbek dla użytkowników

7 Schemat bazy danych

Schemat jest bardzo duży, może załączyć w częściach w dodatku i odsyłać tam czytelnika?

8 Opis implementacji

Czy nie połączyć opisu implementacji razem z przypadkami użycia? Kolejno opisując użycie aplikacji mógłbym opisać jak to się odbywa w kodzie.

9 Bezpieczeństwo aplikacji

9.1 Niebezpieczeństwa

9.2 Wykorzystanie protokołu https

Opisać jak od strony bardziej technicznej odbywa się zabezpieczanie haseł użytkownika (sól, sha512)

10 Testy oraz wydajność

11 Wnioski i podsumowania

Literatura

Wykaz rysunków i tabel