

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	7
2 Podstawy teoretyczne	8
3 Wymagania funkcjonalne i нефункционалне	9
3.1 Wymagania funkcjonalne	10
3.2 Wymagania нефункционалне	11
4 Istniejące rozwiązania	12
5 Wybór technologii	14
5.1 Język programowania Scala	14
5.2 System zarządzania bazą danych	15
5.2.1 MySQL	15
5.2.2 SQLite	15
5.2.3 PostgreSQL	16
5.2.4 Uzasadnienie wyboru PostgreSQL	16
5.3 Slick	16
5.4 JDBC	17
5.5 Aplikacja przeglądarkowa	17
6 Przypadki użycia	19
6.1 Autoryzacja	19
6.1.1 Role	19
6.1.2 Rejestracja i logowanie użytkownika	19
6.2 Przeglądanie danych z sekwencjonowania DNA	20
6.3 Panel administratora	28
7 Schemat bazy danych	31
8 Testy wydajności	35
9 Opis implementacji	40

10 Bezpieczeństwo aplikacji	40
11 Wnioski i podsumowania	42
Literatura	42
Wykaz rysunków i tabel	45

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

Określenie funkcjonalności dostępnych w budowanej aplikacji, rozpoczęto od określenia rodzajów użytkowników, którzy mają korzystać z oprogramowania tak by jak najlepiej dostosować system do ich potrzeb i przyspieszyć ich pracę.

Pierwszą grupą docelową są lekarze, którzy będą poszukiwali możliwych chorób powiązanych z wariantem pacjenta, aby wykryć niebezpieczeństwa i móc jak najwcześniej przeciwdziałać chorobom. Na dane będą patrzeć w kontekście jednego badanego pacjenta i należy umożliwić im łatwe ich rozróżnienie genotypów.

Drugim typem są analitycy, którzy będą analizować dane i zadawać odwrotne pytania, czyli będą starać się znaleźć warianty, które mogą być odpowiedzialne za konkretną chorobę.

Inną istotną kwestią wziętą pod uwagę był typ i wielkość danych, jakie mają być wyświetlane klientom. W trakcie projektowania architektury jako dane przykładowe zostały wybrane dane dla przykładowego transkryptu dostępne w aplikacji Exac [3]. Dane te posiadały 36 kolumn i oczywistym wydało się że obie grupy użytkowników będzie interesowała tylko część informacji o genotypie i należało by umożliwić im filtrację oraz zakrywanie niepotrzebnych danych. Jedna próbka liczyła sobie więcej niż 340000 wiersze co wymogło zaproponowanie funkcjonalności umożliwiających na poprawne i intuicyjne filtrowanie danych tak by klient otrzymywał tylko interesujące go rekordy.

3.1 Wymagania funkcjonalne

Po zakończeniu analizy zostały określone następujące funkcjonalności. Aplikacja:

- 1) ma wygodny, prosty interfejs użytkownika,
- 2) rejestruje użytkowników,
- 3) autoryzuje użytkowników,
- 4) umożliwia wybór próbki do analizy,
- 5) pozwala na wprowadzenie wcześniej zdefiniowanych filtrów z panelu administratora,
- 6) wyświetla dane z sekwencjonowania DNA dla konkretnej próbki,
- 7) filtruje dane po stronie serwera i wysła je klientowi,
- 8) zlicza ilość danych przy zadanych filtrach i informuje klienta o wyniku,
- 9) umożliwia zmianę wartości filtrów,
- 10) pozwala na wyłączenie z filtracji dowolnej części filtrów,
- 11) zapisuje wartości filtrów oddzielnie dla każdego użytkownika,
- 12) sortuje dane po stronie klienta,
- 13) filtruje dane po stronie klienta,
- 14) udostępnia administratorowi możliwość zmiany dostępu do próbek każdego użytkownika,
- 15) daje możliwość zakrycia na stronie aplikacji części danych,

Funkcjonalności umożliwiające wprowadzanie wcześniej zdefiniowanych filtrów spowodowała stworzenie specjalnej klasy użytkowników, to jest administratorów, którzy będą zarządzali strukturą filtrów poprzez wprowadzenie odpowiedniego pliku z specjalnie przygotowanego panelu administracyjnego oraz będą zarządzać dostępem do próbek dla użytkowników.

3.2 Wymagania niefunkcjonalne

Aplikacja:

- 1) szyfruje wysyłane dane między klientem a serwerem za pomocą protokołu HTTPS,
- 2) wykorzystuje funkcję SHA-512 do zabezpieczenia hasła użytkownika,
- 3) korzysta z "soli" przy wyliczaniu funkcji skrótu,
- 4) wykorzystuje darmowe oprogramowanie,

4 Istniejące rozwiązania

Exac broad institute Skupić się na tym iż systemy nie pozwalają na personalizację interfejsu dla użytkownika.

Save coverage plotSave exon imageSave CNV image

AllMissense + LoFLoFInclude filtered (non-PASS) variantsInvert (highlight rare variants)

Export table to CSV

Variant	Chrom	Position	Consequence	Filter	Annotation	Flags	Allele Count	Allele Number	Number of Homozygotes	Allele Frequency	
22:46594230 T / A	22	46594230		PASS	intron		1	120270	0	0.000008315	<div></div>
22:46594236 C / T	22	46594236	c.-42-3C>T	PASS	splice region		1	120124	0	0.000008325	<div></div>
22:46594241 G / T	22	46594241	c.-40G>T	PASS	splice region		1	120166	0	0.000008322	<div></div>
22:46594246 G / T	22	46594246		PASS	5' UTR		1	120188	0	0.000008320	<div></div>
22:46594249 C / T	22	46594249		PASS	5' UTR		1	120180	0	0.000008321	<div></div>
22:46594251 C / T	22	46594251		PASS	5' UTR		3	120174	0	0.00002496	<div></div>
22:46594254 C / T	22	46594254		PASS	5' UTR		5	120306	0	0.00004156	<div></div>
22:46594254 C / A	22	46594254		PASS	5' UTR		3	120306	0	0.00002494	<div></div>
22:46594255 G / A	22	46594255		PASS	5' UTR		1	120320	0	0.000008311	<div></div>
22:46594259 C / T	22	46594259		PASS	5' UTR		1	120410	0	0.000008305	<div></div>
22:46594261 A / G	22	46594261		PASS	5' UTR		1	120436	0	0.000008303	<div></div>
22:46594263 C / T	22	46594263		PASS	5' UTR		1	120452	0	0.000008302	<div></div>
22:46594264 A / G	22	46594264		PASS	5' UTR		4	120468	0	0.00003320	<div></div>
22:46594271 T / C (rs4253793)	22	46594271		PASS	5' UTR		90	120560	0	0.0007465	<div></div>
22:46594277 C / T	22	46594277		PASS	5' UTR		2	120656	0	0.00001658	<div></div>
22:46594279 C / T	22	46594279		PASS	5' UTR		46	120716	0	0.0003811	<div></div>
22:46594280 G / A	22	46594280		PASS	5' UTR		19	120750	0	0.0001573	<div></div>
22:46594285 T / A	22	46594285	p.Val2Glu	PASS	missense		1	120826	0	0.000008276	<div></div>
22:46594290 A / G	22	46594290	p.Thr4Ala	PASS	missense		74	120880	1	0.0006122	<div></div>
22:46594292 G / A	22	46594292	p.Thr4Thr	PASS	synonymous		2	120898	0	0.00001654	<div></div>
22:46594304 C / G	22	46594304	p.Leu8Leu	PASS	synonymous		1	121030	0	0.000008262	<div></div>
22:46594306 G / T	22	46594306	p.Cys9Phe	PASS	missense		3	121042	0	0.00002478	<div></div>
22:46594312 T / A	22	46594312	p.Leu11His	PASS	missense		5	121096	0	0.00004129	<div></div>
22:46594316 C / T (rs139392986)	22	46594316	p.Ser12Ser	PASS	synonymous		15	121162	0	0.0001238	<div></div>
22:46594318 C / G	22	46594318	p.Pro13Arg	PASS	missense		1	121184	0	0.000008252	<div></div>
22:46594319 A / G (rs117490878)	22	46594319	p.Pro13Pro	PASS	synonymous		22	121190	0	0.0001815	<div></div>
22:46594320 C / T	22	46594320	p.Leu14Phe	PASS	missense		2	121200	0	0.00001650	<div></div>

Rysunek 1. Broad

Exac Harvard Harvard udostępnia REST API nieprzyjazne użytkownikowi

ExAC Browser - Harvard Medical School

/rest/variant/any_covered

/rest/variant/ordered_csqs

/rest/variant/metrics

Gene

/rest/gene

/rest/gene/transcript

/rest/gene/variants_in_gene

/rest/gene/variants_in_transcript

/rest/gene/transcripts_in_gene

/rest/gene/coverage_stats

Transcript

/rest/transcript

/rest/transcript/transcript

/rest/transcript/variants_in_transcript

/rest/transcript/coverage_stats

/rest/transcript/gene

Region

/rest/region

/rest/region/genes_in_region

/rest/region/variants_in_region

/rest/region/coverage_array

/rest/transcript/transcript

This call returns infomation about the transcript such as its exons, start, stop, and strand.

Parameter	Description
Transcript Id required	The Ensembl transcript Id

/rest/transcript/transcript/ENST00000407236

Try Me

```
{
  "exons": [
    {
      "feature_type": "exon",
      "stop": 46547874,
      "gene_id": "ENSG00000186951",
      "start": 46547788,
      "transcript_id": "ENST00000407236",
      "xstop": 22046547874,
      "xstart": 22046547788,
      "chrom": "22",
      "strand": "+"
    }
  ],
  "stop": 46547874,
  "gene_id": "ENSG00000186951",
  "start": 46547788,
  "transcript_id": "ENST00000407236",
  "xstop": 22046547874,
  "xstart": 22046547788,
  "chrom": "22",
  "strand": "+"
}
```

/rest/transcript/variants_in_transcript

This call returns all the variants in a transcript.

/rest/transcript/variants_in_transcript/ENST00000407236

Try Me

Rysunek 2. Harvard

13

5 Wybór technologii

Platforma klastrowego przetwarzania danych - Apache Spark[2], z którą współpracować będzie aplikacja, została stworzona oraz udostępnia interfejs programistyczny w języku Scala. Naturalnym przez to wydało się wybranie tego języka programowania do stworzenia przeglądarki danych.

5.1 Język programowania Scala

W aplikacji użyto języka Scala w wersji 2.11.7 [1]. Jest to język programowania powstały w 2001 roku pod kierownictwem Martina Odersky'ego w Lozannie. Działa na Wirtualnej Maszynie Javy a do 2012 roku wspierała platformę .NET opracowaną przez firmę Microsoft.

Język ten nadaje się równie dobrze do krótkich, zwartych skryptów wywoływanych podobnie do skryptów języka Python jak i do tworzenia wydajnych, ogromnych, bezpiecznych systemów sieciowych. Jest językiem łączącym cechy języków funkcyjnych oraz obiektowych. Nie jest jednak obligatoryjny funkcyjny styl programowania, do którego nie jest przyzwyczajona większość programistów.

Scala w swoim założeniu nawiązuje do minimalizmu składni Lispa to znaczy że nie opiera się na składni ale na funkcjach bibliotecznych. Nazwa ma podkreślić skalowalność języka, dzieje się tak dzięki możliwości tworzenia dodatkowych typów i struktur wyglądających jak nowa składnia języka. Zaletą języka jest również to że dzięki kompatybilności z językiem Java mamy możliwość wykorzystania każdej linii kodu napisanej w owym języku.

5.2 System zarządzania bazą danych

Zadanie stworzenia bazy danych przechowującej informacje konfiguracyjne, dane użytkowników oraz o użytkownikach było dużą częścią tworzenia systemu i wymagało wybrania odpowiedniego systemu zarządzania bazą danych. Model bazodanowy został zaprojektowany w modelu opartym na relacyjnej organizacji danych, przez co wybór ograniczył się do darmowych technologii realizujących relacyjne bazy danych.

Biorąc pod uwagę powyższe kryteria, można porównać najpopularniejsze systemami, są nimi[6]:

- MySQL,
- SQLite,
- PostgreSQL,

5.2.1 MySQL

Zalety

- proste i łatwe w obsłudze,
- wysoki poziom bezpieczeństwa,

Wady

- nie realizuje w pełni standardu SQL,
- problematyczny jednoczesny zapis i odczyt,

5.2.2 SQLite

Zalety

- zgodny ze standardem SQL,
- przenośny dzięki oparciu bazy o jeden plik,

Wady

- brak zarządzania użytkownikami i dostępami do danych,

5.2.3 PostgreSQL

Zalety

- zgodny ze standardem SQL,
- wsparcie dla współbieżności,
- pełne wsparcie dla transakcji,

Wady

- słaba wydajność,
- trudność instalacji dla początkujących użytkowników,

5.2.4 Uzasadnienie wyboru PostgreSQL

Po analizie ostateczny wybór systemem padł na PostgreSQL. To otwarte i darmowe oprogramowanie posiada bardzo dużą społeczność, której wiedza jest łatwo dostępna w internecie i posiada wiele narzędzi i bibliotek przeznaczonych do pracy z owym systemem. Istotny wpływ na decyzję miała również łatwość integracji PostgreSQL na inne systemy.

5.3 Slick

Pracę z bazą danych po stronie serwera aplikacyjnego znacznie ułatwia oprogramowanie pozwalające na odwzorowanie obiektowo-relacyjne tabel bazodanowych na obiekty języka programowania. Dzięki tej technice programista może traktować obiekty bazodanowe jak elementy kolekcji czy pola obiektów.

Takim narzędziem jest stworzone przez firmę Lightbend, Inc. oprogramowanie Slick[7] pozwalające na pełną kontrolę nad bazą danych oraz pisanie klasycznych zapytań SQL.

5.4 JDBC

Dopytać się o SQL engine by uzasadnić użycie czystego jdbc

5.5 Aplikacja przeglądarkowa

Biorąc pod uwagę wymagania klientów oraz różnorodność używanych przez nich urządzeń należało wybrać odpowiedni rodzaj aplikacji klienckiej pozwalający na spełnienie wszystkich wymagań funkcjonalnych naszych użytkowników oraz jednocześnie będący łatwy w utrzymaniu i rozwijaniu.

Zalety aplikacji internetowych Łatwość w dostępie do internetu i ilość urządzeń pozwalających na korzystanie z przeglądarek internetowych pozwoliły na rozwój aplikacji internetowych oraz ich rozpowszechnienie. Łatwość w rozbudowie, zarządzaniu i niskie ceny wynajmowania serwera aplikacyjnego spowodowały powstanie grupy platform programistycznych wspomagających ich budowę.

Narzędzia typu Ruby on Rails czy Spring Boot zdejmują z programisty obowiązek konfiguracji serwera HTTP od podstaw i umożliwiają rozpoczęcie pracy nad stronami aplikacji po kilku minutach.

Platforma programistyczna Play Platforma Play, stworzona w języku Scala jest środowiskiem do tworzenia aplikacji internetowych, która na celu ma przyspieszyć pracę programisty dzięki:

- strategii Konwencji Ponad Konfigurację,
- przeładowywania i ponownej kompilacji plików po edycji,
- wykorzystaniu wzorca Model-Widok-Kontroler,
- wykorzystaniu technologii REST,

Platforma programistyczna Angular Angular jest opracowaną przez Google biblioteką wspomagającą tworzenie aplikacji przeglądarkowych na jednej stronie. Jej głównymi zaletami jest :

- odzielenie warstwy klienckiej od warstwy serwerowej,

- oddzielenie manipulacji modelem dokumentu HTML od logiki aplikacji,
- wykorzystaniu wzorca Model-Widok-Kontroler,

Lodash

6 Przypadki użycia

Czy skupić się bardziej na opisie działania aplikacji czy raczej implementacji?

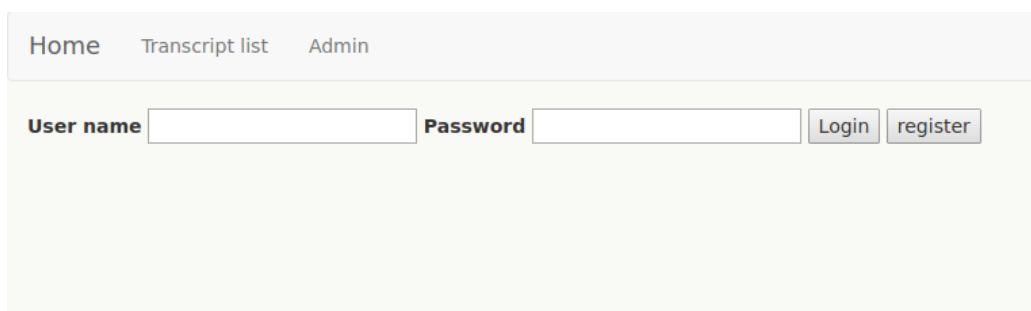
6.1 Autoryzacja

6.1.1 Role

Administratorem nazywana jest osoba mająca dostęp do bazy danych aplikacji, ustalająca widoczne dla użytkowników próbki oraz zarządzająca strukturą filtrów. Jednocześnie administrator ma takie same możliwości jak zwykły użytkownik, którymi są dostęp do określonych próbek, możliwość ich oglądania, filtrowania i ukrywania kolumn. Każdy użytkownik jest rozróżnialny w aplikacji dlatego wymagana jest wcześniejsza rejestracja.

6.1.2 Rejestracja i logowanie użytkownika

Poniższy rysunek pokazuje widok startowy aplikacji. W celu przejścia do pozostałych funkcjonalności, użytkownik musi się zalogować lub zarejestrować, jeśli nie ma jeszcze konta w aplikacji. Wskazane jest użycie szyfrowanego połączenia HTTPS, żeby uniknąć kradzieży hasła.



Home Transcript list Admin

User name Password Login register

Rysunek 3. Okno logowania i rejestracji

6.2 Przeglądanie danych z sekwencjonowania DNA

Po zalogowaniu się do aplikacji przed użytkownikiem pojawia się główna część aplikacji pozwalająca Mu na dostęp do próbek oraz pracę z nimi.

Ekran dostępnych genomów Każda próbka dostępna w bazie danych posiada indywidualny identyfikator pozwalający na rozróżnienie jej od innych próbek. Owy identyfikator jest ciągiem znaków, który wyświetlany jest alfabetycznie posortowanej liście. Użytkownik widzi tylko próbki udostępnione Mu przez administratora i ma możliwość spojrzenia dokładniej w dane poprzez kliknięcie w identyfikator próbki, co przeniesie go do następnej strony prezentującej dane z sekwencjonowania DNA.

Home	Transcript list	Admin
Sample id		
sample_1		
sample_2		
sample_3		
sample_4		
sample_5		
sample_6		
sample_7		
sample_8		

Rysunek 4. Lista próbek

Tabela z danymi z sekwencjonowania DNA - lepsza nazwa? Czy pokazać tylko jedno zdjęcie całej strony? Przechodzą na stronę z danymi dla konkretnej próbki, użytkownikowi prezentowane są dane w postaci tabelarycznej (Rysunek numer 5).

Chrom	Position	Allele Count European (Non-F...	Allele Number European (Non-F...	Homozygote Count European (N...	Allele Count Fi...	Allele Number Fi...	Homozyg...
22	46644047	1	52664	0	0	4884	
22	46644046	0	52534	0	0	4884	
22	46644047	1	52664	0	0	4884	
22	46644046	0	52534	0	0	4884	
22	46644041	1	50662	0	0	4730	
22	46644041	1	50662	0	0	4730	
22	46644047	1	52664	0	0	4884	
22	46644046	0	52534	0	0	4884	
22	46644041	1	50662	0	0	4730	
22	46644047	1	52664	0	0	4884	
22	46644046	0	52534	0	0	4884	
22	46644041	1	50662	0	0	4730	
22	46644204	0	45122	0	0	4322	
22	46644202	1	45802	0	0	4378	
22	46644199	0	47728	0	0	4586	
22	46644198	0	48086	0	0	4620	
22	46644194	0	48652	0	0	4656	
22	46644188	2	50554	0	0	4828	
22	46644178	0	54226	0	0	5164	
22	46644177	3397	55608	98	235	5264	

Rysunek 5. Tabela z danymi z sekwencjonowania DNA

Po zakończeniu implementacji wyświetlania tabeli z danymi z sekwencjonowania DNA, zauważono problemy z wydajnością. Długi czas tworzenia się elementów HTML tabeli i łatwo zauważalne zawieszanie się przeglądarki były elementami nie do przyjęcia dla codziennej pracy użytkownika. Pod obserwację wzięto:

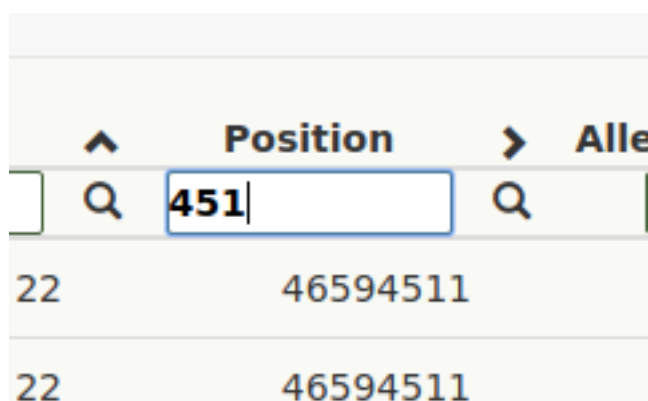
- czas odpowiedzi serwera na zapytanie HTTP,
- czas wygenerowania i wykonania zapytania SQL,
- czas wygenerowania przez przeglądarkę elementów HTML tabeli,

Wykonane testy wykazały, że największy narzut czasowy na ładowanie się strony, miał ostatni element to znaczy rysowanie tabeli przez przeglądarkę.

Wada ta została zniwelowana poprzez wprowadzenie paginacji zwanej też stronicowaniem. Maksymalna ilość pokazywanych wierszy została ograniczona do 300 i wprowadzono dodatkowy element widoczny w lewym dolnym rogu

rysunku numer 5, który umożliwia użytkownikowi poruszanie się po kolejnych stronach tabelki zmniejszając narzut pamięci operacyjnej wymaganej do wygenerowania całości tabeli.

Ważną funkcjonalnością z punktu widzenia użytkownika jest możliwość filtracji pobranych już wierszy z bazy danych. W celu zwiększenia możliwości wyszukiwania, każda kolumna posiada oddzielne pole filtrujące, umożliwiające na zawężanie zbioru danych po każdej kolumnie. Element odpowiadający za stronicowanie poprawnie zmniejsza ilość dostępnych stron przy dynamicznym zmniejszaniu się wyświetlanych danych. Dodatkową opcją działającą po stronie przeglądarki jest funkcjonalność sortowania rosnąco bądź malejąco jednej kolumny. Służy do tego strzałka po lewej stronie od nazwy kolumny, kliknięcie w ikonkę bądź nazwę kolumny zmienia sortowanie.



	Position	Alle
	<input type="text" value="451"/>	
22	46594511	
22	46594511	

Rysunek 6. Sortowanie i filtrowanie pobranych już danych

Ustawianie widoczności kolumn Przejrzystość danych i dostęp tylko do potrzebnych informacji jest kluczową wartością dla użytkowników. Mnogość kolumn, porowadząca do przedstawianie wielu informacji niepotrzebnych wszystkim użytkownikom uniemożliwia osiągnięcie tego efektu. Wychodząc naprzeciw tym oczekiwaniom zaimplementowano opcję umożliwiającą klientom aplikacji ukrywanie dowolnej kolumny. Po kliknięciu w specjalny guzik umiejscowiony po prawej stronie elementu stronicującego, wyskakuje okienko z listą kolumn, które użytkownik może odznaczyć co spowoduje zniknięcie z tabeli. Selekcja może być zapisana w bazie danych tak by przy ponownym wejściu na tą stronę aplikacji, użytkownik nie musiał kolejny raz ukrywać nieinteresujących go kolumn. Po rejestracji użytkownik ma widoczne wszystkie kolumny i musi sam je odznaczyć.

46611027	Homozygote Count Finnish	<input checked="" type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Count Latino	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Number Latino	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Homozygote Count Latino	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Count Other	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Number Other	<input checked="" type="checkbox"/>	0
46611027	Homozygote Count Other	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Count South Asian	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Allele Number South Asian	<input type="checkbox"/>	0
46611027	Homozygote Count South Asian	<input type="checkbox"/>	0

5 6 7 8 9

Save Cancel

Rysunek 7. Widoczne kolumny

Filtrowanie danych Rysunek numer 8 przedstawia moduł filtrujący dane, znajdujący się w lewej części strony aplikacji. Podstawowym elementem tworzącym filtr jest tak zwane "pole", odnosi się ono do jednej kolumny bazodanowej, z którą łączy ją jedna z poniższych relacji:

- mniejsze (less),
- większe (greater),
- mniejsze równe (less than),
- większe równe (greater than),
- równe (equals),

Użytkownik wprowadza własną wartość do pola bądź wybiera ją z listy rozwijanej. Dodatkową możliwością jest pole mające wartość domyślną ustaloną przez administratora. Wartość każdego pola może być zapisane w bazie danych, zapis jest oddzielny, dla każdego użytkownika, każdego filtru oraz każdej próbki. Grupa pól tworzy właściwy "filtr", który może być wyłączony z filtracji dzięki przyciskowi wyboru z etykietą "Inactive". Wizualnie filtr jest wyciemniony jak na przykładzie. Grupa filtrów tworzą tak zwane tabki, **zastanawia mnie użycie tu tego słowa, czy nie ma lepszej nazwy** które są oddzielnymi bytami w bazie danych, o własnych nazwach i filtrach. W górnej części panelu widoczne są przyciski z nazwami tabów. Aktywny tab wyróżnia się od zielonym kolorem od nieaktywnych o kolorze szarym.

Filters

Tab 1**Tab 2****Tab 3**

Inactive ☒ Filter 11
Chrom greater than

Position greater

Inactive ☐ Filter 12
Reference equals

Chrom less than

Allele Number greater

Filter**Count****Save****Get all**

Rysunek 8. Filtry

Filtrowanie odbywa się zgodnie z kolejnością aktywnych filtrów, to znaczy najpierw filtrujemy dane używając pól pierwszego aktywnego filtru, następnie te dane filtrujemy korzystając z drugiego i tak dalej. Ilustruje to przykład z rysunku numer 9. Pierwszy filtr o nazwie "Filter 11" redukuje listę wyświetlanych wierszy do 20224. Była by to liczba widocznych wierszy przy deaktywacji pozostałych filtrów. Filtr "Filter 11" razem z drugim filtrem o nazwie "Filter 12" redukuje liczbę rekordów do 7424

Przycisk z etykietą "Count" umożliwia policzenie ilości wierszy zwróconych przy zadanych wartościach pól. Pozwala to na sprawdzenie rozmiaru danych przed właściwym pobraniem całego zbioru danych.

Można również pobrać wszystkie dane wybranej próbki za pomocą guzika z napisem "Get all".

Za ustalanie struktury filtrów odpowiadają administratorzy i w podrozdziale im poświęconym opisane zostanie zarządzanie filrami.

Filters

Tab 1

Tab 2

Tab 3

Inactive ☐

Filter 11

Chrom greater than

21

Position greater

23686

This selection reduce list length to
20224

Inactive ☐

Filter 12

Reference equals

C

Chrom less than

23

Allele Number greater

42920

This selection reduce list length to
7424

Filter

Count

Save

Get all

6.3 Panel administratora

Użytkownik o roli administratora może wejść do oddzielnej strony aplikacji (rysunek 10). Administratorowi prezentowana jest lista zarejestrowanych użytkowników wraz z ich rolami. Każdy element list jest hiperłączem prowadzącym do strony poświęconej konkretnemu użytkownikowi i jego uprawnieniom.

Przycisk o etykiecie "Upload" służy administratorowi do zmiany struktury filtrów, o czym będzie mowa w następnym paragrafie.

Home	Transcript list	Admin
Upload		
User name	Role	
user1	user	
user2	user	
user3	user	
user4	admin	
user5	admin	
user6	admin	

Rysunek 10. Część panelu administratora z listą użytkowników

Zarządzanie filtrami Zmiana struktury filtrów odbywa się z panelu administratora poprzez wysłanie z przeglądarki na serwer plik arkusza kalkulacyjnego o ustalonym formacie. Przykładowe dane są widoczne na rysunku 11. W pierwszej kolumnie podaje się nazwę tabki, do której przypisywany jest filtr o nazwie podanej w drugiej kolumnie. W trzeciej kolumnie należy podać nazwę kolumny, do której odnosić się będzie pole filtru a następnie relację między wprowadzaną wartością a kolumną. Opcjonalnie może być podana domyślna wartość pola oraz kilka wartości oddzielone przecinkami, między którymi użytkownik będzie mógł wybierać w aplikacji. Nazwy kolumn oraz relacje zostały są dostępne pod listą rozwijaną w arkuszu w celu ułatwienia pracy administratora. Załadowanie pliku usuwa wcześniejsze filtry oraz zapisane wartości użytkowników.

	A	B	C	D	E	F
1	Tab name	Filter name	Variant column name	Relation	Default value	Options
2	Tab 1	Filter 11	Chrom	Greater than	22	
3	Tab 1	Filter 11	Position	Greater		23686, 245345, 456846 51
4	Tab 1	Filter 12	Reference	Equals	C	C, G
5	Tab 1	Filter 12	Chrom	Less than		23
6	Tab 1	Filter 12	Allele Number	Greater	42920	
7	Tab 2	Filter 21	Chrom	Greater than	22	
8	Tab 2	Filter 21	Position	Greater		23686
9	Tab 2	Filter 22	Reference	Equals	G	
10	Tab 2	Filter 22	Chrom	Less than	23	22, 23, 24
11	Tab 3	Filter 31	Allele Number	Greater	23686	

Rysunek 11. Przykładowa zawartość pliku konfiguracyjnego dla filtrów

Zarządzanie widocznością próbek dla użytkowników Po wybraniu użytkownika z listy widocznej na rysunku numer 10, administratorowi ukazuje się lista wszystkich dostępnych próbek (rysunek numer 12). Administrator zaznacza w przyciskach wyboru, które próbki będą dostępne do wglądu wybranemu użytkownikowi. By zatwierdzić wybór należy kliknąć w przycisk z etykietą "Save". Po zarejestrowaniu się do aplikacji, użytkownik nie jest przypisany do żadnej próbki.

Home

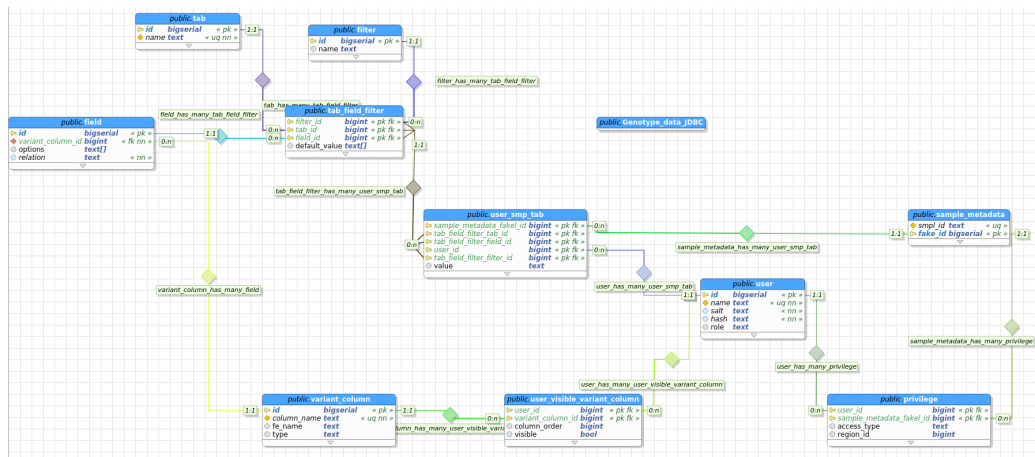
Transcript list

Admin

Sample id	Visible
sample1	<input checked="" type="checkbox"/>
sample2	<input checked="" type="checkbox"/>
sample3	<input checked="" type="checkbox"/>
sample4	<input type="checkbox"/>
sample5	<input type="checkbox"/>
sample6	<input type="checkbox"/>
sample7	<input type="checkbox"/>
sample8	<input type="checkbox"/>

Save

Rysunek 12. Panel dostępności próbek dla użytkownika



Rysunek 13. Schemat bazy danych

7 Schemat bazy danych

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

Przed rozpoczęciem implementacji aplikacji przeglądarkowej zaprojektowano strukturę relacyjnej bazy danych. Na rysunku nr 13 przedstawiono schemat stworzony w narzędziu pgModeler [12]. Dzięki temu darmowemu narzędziu wygenerowany został skrypt tworzący bazę danych.

Dane o użytkowniku Tabela "user" zawiera rekordy o użytkownikach. Są to:

- 1) nazwy jakie wybrali przy rejestracji i jakimi posługują się w aplikacji ("name"),
- 2) rolę jaką przydzielili im administratorzy systemu ("role"),
- 3) sól użytą do wygenerowania skrótu i potrzebną do autoryzacji ("salt"),
- 4) wynik funkcji skrótu z ich hasła ("hash"),

Dane z sekwencjonowania DNA Podczas trwania okresu implementacji systemu, przykładowe dane z serwisu Exac zostały załadowane do oddzielnej tabeli bazodanowej o nazwie "Genotype_data_JDBC". Mimo, iż owa tabela znajdowała się w tej samej bazie danych co dane o filtrach czy użytkownikach, aplikacja łączyła się oddzielnym połączeniem. Dodatkowo do pobierania danych wykorzystywała interfejs JDBC, tak by jak najlepiej symulować produkcyjne połączenie aplikacji, czyli połączenie do rozproszonej bazy danych.

Sztuczne identyfikatory próbek Do implementacji strony prezentującej dane użytkownikowi (podrozdział 6.2) planowano użyć funkcjonalności platformy Angular, umożliwiającej przekazywanie parametrów poprzez część adresu URL. Rozróżnianie próbek odbywa się względem ich nazw, które są dowolnymi ciągami znaków. Biorąc pod uwagę konieczność zabezpieczenia aplikacji przed znakami specjalnymi, które mogłyby się pojawić w nazwie oraz potrzebę użycia identyfikatora próbki jako klucza obcego w części tabel systemu, postanowiono dodać dodatkową liczbową kolumnę ("fake_id"), której wykorzystanie ułatwiło implementację systemu.

Dostęp do próbek W tabeli "privilege" przechowywane są informacje o dostępie użytkownika do danej próbki. Brak rekordu wiążącego użytkownika z daną próbką jest w aplikacji rozumiany jako brak dostępu do danej próbki, przez co po zarejestrowaniu się użytkownika, nie ma On dostępu do żadnej próbki,

Lista kolumn System był projektowany z myślą by ograniczyć w przyszłości konieczność zmian w kodzie aplikacji i by był konfigurowalny z jednego pliku dostępnego administratorowi. Z tym przeświadczeniem została dodana tabela "variant_column", która będzie zawierać informacje o kolumnach tabeli z danymi DNA. Poza nazwami tych kolumn, które będą wykorzystywane do generowania zapytań pobierających dane, w tej encji znajdują się nazwy wyświetlające się użytkownikowi aplikacji ("fe_name") oraz informacje o typach tych kolumn, służące do sprawdzania poprawności danych wejściowych od klientów.

Widoczność kolumn Za składowanie informacji o widocznych kolumnach na stronie prezentującej użytkownikowi dane o sekwencjonowaniu, odpowiada tabela "user_visible_variant_column". Zapisane w niej są:

- 1) identyfikator użytkownika ("user_id"),
- 2) identyfikator kolumny wariantu ("variant_column_id"),
- 3) dana typu boolowskiego ("visible") informująca o widoczności kolumny w następujący sposób:
 - prawda - kolumna jest widoczna,
 - fałsz - kolumna nie jest widoczna,

Przechowywanie schematu filtrów W trakcie analizy wymagań i projektowaniu systemu wydzielono trzy oddzielne obiekty tworzące moduł filtrujące dane, to znaczy taby, filtry i pola. Ułatwiło to zaprojektowanie odpowiednich encji bazodanowych.

Tabela odpowiadająca tabie ("tab") poza identyfikatorem ("id") przechowuje również unikalną nazwę ("name") widoczną w górnej części panelu filtrującego. Podobnie skonstruowana jest encja odpowiadająca jednemu filtrowi ("filter") z tą różnicą, iż nazwa ("name") nie jest unikalna.

Encja będąca odpowiednikiem jednego pola ("field") również została dodana do schematu bazy danych, z następującymi kolumnami:

- 1) identyfikator ("id"),
- 2) identyfikator kolumny wariantu ("variant_column_id"), powiązanej z polem,
- 3) relacja między polem a kolumną wariantu,
- 4) opcjonalne wartości ukazywane użytkownikowi pod listą rozwijaną,

Załączenie wszystkich trzech wymienionych encji, odpowiada tabela "tab_field_filter", posiadająca identyfikatory każdej z encji oraz domyślne wartości zadeklarowane przez administratora.

Zapisywanie wartości filtrów dla użytkownika Ostatnią zaprojektowaną tabelą jest tabela "user_smp_tab", **zmienić nazwę, niezgodna z nazewnictwem reszty tabel** Funkcjonalność zapisania wartości dla każdego pola filtru, oddzielnie dla każdej próbki jest zrealizowana poprzez przechowywanie identyfikatora tabki, filtru i pola elementu filtracji, razen z identyfikatorem próbki i wybraną wartością.

8 Testy wydajności

Dane używane podczas implementacji do sprawdzenia działania aplikacji pochodziły z Instytutu Broad [3]. Do testów wybrano transkrypt ENST00000407236 [4], którego dane były dostępne w pliku CSV. Rozmiar danych wynosił 530 wierszy, każdy posiadający 37 atrybutów. Plik został załadowany do lokalnej bazy danych, do tabeli "Genotype_data_JDBC". **Należy zaznaczyć, iż spodziewana ilość wierszy dla jednej próbki wynosi: XXXX** W celu sprawdzenia zachowania się aplikacji dla większych rozmiarów danych, postanowiono kilkakrotnie zmnożyć ilość wierszy i zapisać je jako oddzielne próbki.

Zaobserwowano dzięki temu brak płynności przy przewijaniu tabeli, tak zwane "zacinanie się" strony przeglądarki oraz nieakceptowalne wydłużenie się czasu oczekiwania na wyrysowanie się wszystkich elementów. W celu znalezienia przyczyny i poprawienia sprawności wytypowano następujące elementy działania aplikacji podejrzewane o duże narzuty czasowe:

- rozmiar przesyłanych danych
- czas trwania żądania HTTP
- czas generowania modelu w części klienckiej
- czas dodawania elementów do DOMu przeglądarki przez platformę Angular

Środowisko testowe stanowił komputer typu laptop z procesorem firmy Intel model i3-3110M wraz z 8 Gb pamięci operacyjnej. Wirtualna maszyna Javy, z której korzystała aplikacja posiadała stertę o wielkości 512 Mb z możliwością dynamicznego zwiększenia do maksymalnie 2 Gb. Przeglądarkami na których testowano aplikację była przeglądarka Google Chrome w wersji 60.0.3112.113 oraz Mozilla Firefox w wersji 55.0.2. Każdy przypadek był mierzony pięć razy.

Rozmiar przesyłanych danych Rozmiar przesyłanych danych został jako pierwszy poddany analizie i ewentualnej optymalizacji, ponieważ może znacząco wpływać na pozostałe obiekty badań.

W tabeli numer 1 przedstawiono rozmiar odpowiedzi HTTP względem rozmiaru wybranej próbki DNA.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
rozmiar odpowiedzi HTTP	3.5MB	37.3MB	93.6MB

Tabela 1. Rozmiar odpowiedzi HTTP względem rozmiaru wybranej próbki DNA

Dane wysyłane z serwera były to dane tekstowe w formacie JSON. Wysyłanymi model danych stanowiła lista obiektów DataRowDTO, który odpowiadał jednemu wierszowi tabeli i gdzie każdy z nich zawierał listę obiektów DataCellDTO (pole o nazwie "row"). Zawartość tych obiektów stanowiła nazwa odpowiadającej kolumny wiersza ("columnName") oraz wartość ("value").

Dla zmniejszenia długości przesyłanego ciągu znaków, zmieniono logikę po stronie JavaScript'owej tak by można było wysyłać liczbowy identyfikator kolumny zamiast jej nazwy oraz zmieniono nazwy pól obiektów w następujący sposób:

- row -> r
- columnName -> id -> i
- value -> v

Zmiany rozmiaru wysyłanych danych prezentuje tabela numer 2.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
rozmiar odpowiedzi HTTP	1.3MB	13.8MB	34.2MB

Tabela 2. Rozmiar odpowiedzi HTTP względem rozmiaru wybranej próbki DNA po optymalizacji przesyłanego modelu

Czas trwania żądania HTTP Tabela 3 przedstawia średni czas trwania całego żądania HTTP oraz czas przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
czas trwania żądania HTTP	5.66s	9.54s	19.21s
czas przetwarzania danych	4856ms	7882ms	17379ms

Tabela 3. Czasy trwania żądania HTTP oraz czasy przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych

Warto zwrócić uwagę jak dużą częścią całego żądania stanowił czas przetwarzania danych. Jak łatwo się domyślić, lokalna baza danych oraz przede wszystkim lokalny serwer będzie miał zdecydowanie lepsze wyniki od produkcyjnego serwera i należało zająć się ograniczeniem czasu pracy serwera aplikacyjnego. W tym celu wykorzystano mechanizm pamięci podręcznej (z ang. cache). Oprogramowanie z którego skorzystano nazywa się Ehcache [5] i zostało wybrane, ponieważ jest wspierane przez oprogramowanie Play i jednocześnie jest najczęściej wykorzystywaną implementacją pamięci podręcznej dla aplikacji w języku Java.

Tabela 4 przedstawia średni czas trwania całego żądania HTTP oraz czas przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych po zaimplementowaniu mechanizmu pamięci podręcznej.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
czas trwania żądania HTTP	0.615ms	2.55s	4.57s
czas przetwarzania danych	147ms	126ms	163ms

Tabela 4. Czasy trwania żądania HTTP oraz czasy przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych po zaimplementowaniu mechanizmu pamięci podręcznej

Czas generowania modelu w części klienckiej Pobrany obiekt typu JSON po zakończeniu zapytania HTTP był przekształcany do innej formy między innymi funkcje biblioteki Lodash. Poniżej w tabeli numer 5 przedstawione są pomiary czasu przekształceń względem rozmiaru obiektu.

	1.3MB	13.8MB	34.2MB
przekształcenia modelu w przeglądarce	105ms	991ms	2052ms

Tabela 5. Czasy przekształceń w przeglądarce klienckiej względem rozmiaru obiektu

Osiągnięte wyniki testów uznano za zadowalające i nie postanowiono próbować optymalizować czasu wykonania owych operacji.

Czas dodawania elementów do DOMu przeglądarki przez platformę Angular Doświadczenie z oprogramowaniem Angular wskazywało, iż ten element może być odpowiedzialny za główny narzut czasowy przy generowanie się tabeli. Zdecydowano się wprowadzić element stronicujący prezentowane dane oraz zmierzyć czas potrzebny na wygenerowanie się elementów zależnie od ilości wizualnie dostępnych wierszy. W tabeli numer 6 przedstawione są wyniki.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
300 wierszy	3806ms	4329ms	5783ms
1000 wierszy	11.82s	13.05s	16.07s
5000 wierszy	35403ms	4min	>5min

Tabela 6. Czasy dodawania elementów do DOMu HTML przez platformę Angular

Powyższe wyniki najlepiej prezentują skalę problemu. Ostatecznie zaimplementowano stronicowanie z 300 wierszami, duży wpływ na tą decyzję miał również fakt, iż przy 1000 widocznych wierszach straty wydajności i brak płynności przy przewijaniu suwakiem widocznej tabelki uniemożliwiałyby efektywną pracę.

Opisać dirty-checking w angularze - powód takiego zachowania

Po zaimplementowaniu funkcjonalności ukrywania kolumn, ponowiono testy przy ukrytych 17 kolumnach. Angular zapewnia dwie dyrektywy, które można było zastosować przy tej funkcjonalności. Są to:

- ng-show bądź ng-hide - które ukrywają dany element poprzez style CSS
- ng-if - która nie dodaje elementu do DOMu przeglądarki

Poniższa tabela o numerze 7 ilustruje wyniki uzyskane z dyrektywą ng-if przy ukrytych 17 kolumnach.

	1920 wierszy	20224 wierszy	51200 wierszy
300 wierszy	3739ms	4744ms	5100ms
1000 wierszy	10.86s	15.69s	18.93s
5000 wierszy	19.61s	3min	>5min

Tabela 7. Czasy dodawania elementów do DOMu HTML przez platformę Angular

Po wprowadzeniu wszystkich elementów optymalizacyjnych, średni czas wyniósł:

9 Opis implementacji

Opis struktury całego projektu

Opis sesji - ciastka, guzik "wstecz" przeglądarki oraz odświeżania strony bez potrzeby ponownego logowania

Opis rejestracji (hash itp)

Opis autoryzacji - trait Secured - można napisać coś o https, wygenerowanym przez nich certyfikacie (screen czerwonego ekranu + 1 strona)

Upload i apache poi

10 Bezpieczeństwo aplikacji

Badania przeprowadzone przez firmę Norton by Symantec [9] pokazują jak dużym zjawiskiem jest współdzielenie przez ludzi haseł między różnymi serwisami, czy to skrzynką mejlową, serwisem społecznościowym czy też kontem bankowym. Użytkownicy ufają twórcom aplikacji, iż dołożą wszelkich starań w celu zabezpieczenia ich danych.

Do zapewnienia bezpieczeństwa haseł zostało zaimplementowane co następuje:

- połączenia klienta z serwerem - aplikacja została przygotowana do obsługi protokołu HTTPS, zapewniającym szyfrowane połączenie i ochronę danych autoryzacyjnych
- przechowywanie hasła - baza danych przechowuje hasło przekształcone za pomocą funkcji mieszającej SHA-512, dla zwiększenia bezpieczeństwa wykorzystuje się wygenerowaną sól

SQL injection Z kolei opublikowany w 2017 roku raport OWASP [10] informuje iż najwięcej ataków na aplikacje internetowe odbywa się poprzez tak zwane "SQL injection (z ang.). Opracowany system generował dynamicznie zapytania SQL przez co mógł być narażony na te niebezpieczeństwa i został odpowiednio zabezpieczony. Przed tymi zagrożeniami czających na relacyjną bazę danych PostgreSQL chroni aplikację oprogramowanie Slick, które dynamicznie sprawdza typowanie i upewniając się, iż wprowadzone parametry zostaną wcześniej przekształcone na odpowiednie typy. Baza danych z danymi z sekwencjonowania DNA łączy się z serwerem za pomocą interfejsu JDBC, który udostępnia tą samą funkcjonalność poprzez wykorzystanie klasy PreparedStatement [11].

11 Wnioski i podsumowania

Literatura

- [1] École Polytechnique Fédérale - Scala documentation, Available at: <http://docs.scala-lang.org/> (Accessed: 10 August 2017).
- [2] The Apache Software Foundation - Apache Spark Available at: <https://spark.apache.org/> (Accessed: 10 August 2017).
- [3] Exac Browser Data - Exome Aggregation Consortium Available at: <http://exac.broadinstitute.org/> (Accessed: 10 August 2017).
- [4] Exac Browser Data - Exome Aggregation Consortium Available at: <http://exac.broadinstitute.org/transcript/ENST00000407236> (Accessed: 10 August 2017).
- [5] Terracotta, Inc.[- Ehcache Available at: <http://www.ehcache.org/> (Accessed: 10 August 2017).
- [6] Hostovita sp. z o.o. - Porównanie relacyjnych SZBD: SQLite, MySQL, PostgreSQL Available at: <https://hostovita.pl/blog/porownanie-relacyjnych-systemow-zarzadzania-bazami-danych-sqlite-mysql-postgresql/> (Accessed: 10 August 2017).
- [7] Lightbend, Inc Slick documentation. Available at: <http://slick.lightbend.com/docs/> (Accessed: 10 August 2017).
- [8] The Apache Software Foundation - Apache Kudu <https://kudu.apache.org/> (Accessed: 20 August 2017)
- [9] Norton Cybersecurity Insights Report Available at: <https://us.norton.com/norton-cybersecurity-insights-report-global> (Accessed: 20 August 2017).
- [10] OWASP Top 10 Application Security Risks - 2017 Available at: https://www.owasp.org/index.php/Top_10_2017-Top_10 (Accessed: 20 August 2017).
- [11] Oracle - Java™ Platform Standard Ed. 8 documentation <https://docs.oracle.com/javase/8/docs/api/java/sql/PreparedStatement.html> (Accessed: 20 August 2017).

- [12] Raphael A. Silva - pgModeler Available at: <https://pgmodeler.com.br/> (Accessed: 24 August 2017).

Wykaz rysunków i tabel

Spis rysunków

1	Broad	12
2	Harvard	13
3	Okno logowania i rejestracji	19
4	Lista próbek	20
5	Tabela z danymi z sekwencjonowania DNA	21
6	Sortowanie i filtrowanie pobranych już danych	22
7	Widoczne kolumny	23
8	Filtry	25
9	Wynik zliczania danych	27
10	Część panelu administratora z listą użytkowników	28
11	Przykładowa zawartość pliku konfiguracyjnego dla filtrów	29
12	Panel dostępności próbek dla użytkownika	30
13	Schamat bazy danych	31

Spis tabel

1	Rozmiar odpowiedzi HTTP względem rozmiaru wybranej próbki DNA	36
2	Rozmiar odpowiedzi HTTP względem rozmiaru wybranej próbki DNA po optymalizacji przesyłanego modelu	36
3	Czasy trwania żądania HTTP oraz czasy przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych	37
4	Czasy trwania żądania HTTP oraz czasy przetwarzania danych pobranych z bazy danych (w tym czas połączenia z bazą danych) względem rozmiaru danych po zaimplementowaniu mechanizmu pamięci podręcznej	37
5	Czasy przekształceń w przeglądarce klienckiej względem rozmiaru obiektu	38
6	Czasy dodawania elementów do DOMu HTML przez platformę Angular	38

7	Czasy dodawania elementów do DOMu HTML przez platformę Angular	39
---	---	----