

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛА-
РУСЬ БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИ-
ТЕТ ФАКУЛЬТЕТ РАДИОФИЗИКИ И КОМПЬЮТЕРНЫХ
ТЕХНОЛОГИЙ**

Кафедра системного анализа и компьютерного моделирования

ЯКУШЕВА
Диана Анатольевна

**РАЗРАБОТКА ПРОГРАММНЫХ СРЕДСТВ ДЛЯ УДА-
ЛЕННОГО ДОСТУПА К РЕЗУЛЬТАТАМ ОБРАБОТКИ
ДАННЫХ ГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ**

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат физико-
математических наук,
доцент Н.Н. Яцков

Консультант:
кандидат физико-
математических наук,
доцент В.В. Скакун

Допущена к защите

«__»_____2022 г.

Зав. кафедрой системного анализа и компьютерного моделирова-
ния кандидат физико-математических наук, доцент В.В. Скакун

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

В дипломной работе 50 страниц, 21 рисунок, 29 источников, 2 приложения.

Ключевые слова: геномное секвенирование, методы секвенирования, пользовательский интерфейс, библиотека JavaScript, база данных MongoDB.

Дипломная работа посвящена разработке программных средств для удаленного доступа к результатам обработки данных геномного секвенирования с целью обеспечения автоматизации научных исследований.

Задача решалась при помощи языка программирования JavaScript, подключенной библиотеки React, системы управления базы данных MongoDB и серверной части, реализованной при помощи Node.js. Разработан пользовательский интерфейс базы данных для отображения информации геномных последовательностей. Проанализированы экспериментальные данные, представляющие собой геномную последовательность.

В результате проделанной работы сделаны выводы об эффективности языка программирования JavaScript для веб-разработки и создания базы данных при помощи платформы MongoDB. Разработанное веб-приложение может быть использовано для отображения различных данных из области биоинформатики.

РЭФЕРАТ

У дыпломнай рабоце 50 старонак, 21 малюнак, 29 крыніц, 2 дадатка.

Ключавыя словы: геномнае секвеніраванне, метады секвеніравання, карыстацкі інтэрфейс, бібліятэка JavaScript, база даных MongoDB.

Дыпломная праца прысвечана распрацоўцы праграмных сродкаў для выдаленага доступу да вынікаў апрацоўкі дадзеных геномнага секвеніравання з мэтай забеспячэння аўтаматызацыі навуковых даследаванняў.

Задача вырашалася пры дапамозе мовы праграмавання JavaScript, падключанай бібліятэкі React, сістэмы кіравання базы дадзеных MongoDB і сервернай часткі, рэалізаванай пры дапамозе Node.js. Распрацаваны карыстацкі інтэрфейс базы дадзеных для адлюстравання інфармацыі геномных паслядоўнасцяў. Прааналізаваны эксперыментальныя дадзеныя, якія ўяўляюць сабой геномную паслядоўнасць.

У выніку праведзенай працы зроблены высновы аб эфектыўнасці мовы праграмавання JavaScript для вэб-распрацоўкі і стварэння базы дадзеных пры дапамозе платформы MongoDB. Распрацаванае вэб-прылажэнне можа быць выкарыстана для адлюстравання розных дадзеных з вобласці біяінфарматыкі.

ABSTRACT

The thesis contains 50 pages, 21 figures, 29 sources, 2 appendices.

Keywords: genomic sequencing, sequencing methods, user interface, JavaScript library, MongoDB database.

The thesis is devoted to the development of software tools for remote access to the results of processing genomic sequencing data in order to ensure the automation of scientific research.

The task was solved using the JavaScript programming language, the React plug-in library, the MongoDB database management system, and the server part implemented using Node.js. A database user interface has been developed for displaying genomic sequence information. Analyzed experimental data, representing the genomic sequence.

As a result of work which had been done, conclusions were drawn about the effectiveness of the JavaScript programming language for web development and creating a database using the MongoDB platform. The developed web application can be used to display various data from the field of bioinformatics.