

ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ

«АБиоГрам.Геном»
(«ABioGram.WGS»)

Аннотация

Документ описывает назначение, состав, функциональные возможности и основные сценарии работы с программным обеспечением «АБиоГрам.Геном» («ABioGram.WGS»).

Программа предназначена для хранения и анализа последовательностей микроорганизмов в формате FASTA. Она позволяет аннотировать последовательности по референсным базам, выполнять мультилокусное типирование (MLST), вести сведения об образцах и анализировать результаты по коллекции файлов.

Описаны функции пользователей и администраторов, требования к исходным данным, порядок выполнения вычислительных заданий и способы представления и экспорта результатов.

Оглавление

Аннотация 2
Обозначение и наименование программы 4
Назначение ПО 4
Краткое техническое описание продукта 4
Архитектура и способ доступа 4
Обрабатываемые данные и форматы 4
Функциональные характеристики ПО 4
Данные о чувствительности к антибиотикам 5
Аналитическая обработка и визуализация 5
Экспорт результатов 6
Информация о стоимости ПО или условиях его приобретения 6

Обозначение и наименование программы

Наименование программы: «АБиоГрам.Геном». Англоязычное обозначение: «ABioGram.WGS». В дальнейшем используется наименование «Программа», «ПО».

Назначение ПО

«АБиоГрам.Геном» предназначена для работы с нуклеотидными последовательностями микроорганизмов в формате FASTA. Программа хранит последовательности и сведения об образцах, находит сходные участки в референсных базах, определяет аллельные профили и сиквенс-типы по схемам MLST, формирует аналитические выборки и позволяет выгружать результаты.

Программу могут использовать сотрудники микробиологических и геномных лабораторий, специалисты, работающие с данными секвенирования, и исследователи. Основные задачи – анализ отдельных образцов и сопоставление результатов для коллекций микроорганизмов.

Для анализа загружаются готовые FASTA-файлы. Получение первичных данных секвенирования и сборка последовательностей из исходных прочтений к функциям Программы не относятся.

Краткое техническое описание продукта

Архитектура и способ доступа

«АБиоГрам.Геном» работает как веб-приложение. Пользователь открывает интерфейс в браузере. Серверная часть отвечает за хранение данных, управление файлами и заданиями, проверку прав доступа и выдачу результатов.

Обрабатываемые данные и форматы

Группа данных	Форматы и содержание
Исходные последовательности	Файлы .fasta и .fas с нуклеотидными последовательностями
Референсные базы для аннотирования	Нуклеотидные FASTA-файлы и комбинированные наборы NUC+AA
Базы MLST	FASTA-файлы аллелей, таблицы профилей TSV; XML-описания MLST
Метаданные образца	Идентификаторы, микроорганизм, материал, локализация, даты, координаты, комментарии и пользовательские поля
Данные чувствительности	Внесённые пользователем значения MIC, DISK и SIR
Выходные материалы	Таблицы Excel, исходные FASTA (в том числе ZIP-архивы), графики PNG и SVG

Функциональные характеристики ПО

Основные функции Программы сгруппированы в таблице. Далее приведено описание каждого функционального раздела.

Функциональный блок	Основные операции и результат
Управление пользователями и доступом	Авторизация, настройка профиля, права доступа к пользовательским и административным операциям
Коллекции FASTA	Загрузка и хранение FASTA, поиск и просмотр файлов, редактирование метаданных, групповые операции
Референсные базы	Загрузка и подготовка баз FASTA и MLST, настройка полей, подтверждение готовности, управление публичностью
Аннотирование	BLAST-поиск, таблица совпадений, координаты и показатели выравнивания, сведения о генах
MLST	Определение аллелей по локусам, ST и клонального комплекса по данным выбранной базы
Антибиотики	Ввод и хранение результатов определения чувствительности: MIC, DISK, SIR
Аналитика	Выборки образцов, группировки, диаграммы, временные ряды и карты
Экспорт	Таблицы Excel, последовательности FASTA/ZIP, изображения PNG/SVG
Анонимная обработка	Обработка без учётной записи по опубликованным базам, доступ к результату по ссылке
Администрирование	Пользователи, справочники, задания, почтовые шаблоны, анонимные файлы

Данные о чувствительности к антибиотикам

На вкладке «Антибиотики» пользователь вводит и хранит результаты лабораторного определения чувствительности: минимальную подавляющую концентрацию (MIC), диаметр зоны подавления роста при диско-диффузионном методе (DISK) и категорию чувствительности (SIR). Записи можно добавлять, редактировать и вводить группой из таблицы.

Значения MIC, DISK и SIR вносятся пользователем. Автоматический расчёт этих показателей по последовательности FASTA не выполняется.

Аналитическая обработка и визуализация

В разделе «Аналитика» можно отобрать образцы по метаданным и датам, просмотреть полученную выборку и построить сводные представления. Доступны таблицы, структура выборки, группировки и сравнение категорий с настройкой графиков и сортировки.

Образцы с указанными координатами можно отобразить на карте. Для результатов аннотирования доступны распределения генов, группировки, временная шкала и карта. Сохранённые показатели MIC, DISK и SIR анализируются в отдельном разделе «Антибиотики».

При анализе коллекций следует учитывать полноту метаданных. Отсутствующее значение не равнозначно отрицательному результату исследования.

Экспорт результатов

Исходные FASTA-файлы выгружаются по отдельности или группой в ZIP-архиве. Таблицы и результаты анализа экспортируются в Excel, графики и выравнивания – в PNG и SVG.

Состав экспортируемых данных зависит от выбранной команды: выгрузка исходных последовательностей, списка образцов и результатов анализа выполняется раздельно.

Информация о стоимости ПО или условиях его приобретения

Стоимость программного обеспечения определяется индивидуально в зависимости от количества подключаемых рабочих мест. Для получения коммерческого предложения просим обращаться:

- тел: +79151945937;
- эл.адрес: support@abiogram.ru