**2022**

肽结合预测模型可视化系统及癌症基因组综合分析系统

时间： 2022 年 10 月 24 日

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **时间** | **版本号** | **撰写人** | **产品内容** |
| 2022年10月24日 | v1.0 |  | PC端（Web呈现） |

目录

[一、产品概述 3](#_Toc8568)

[二、需求总表 3](#_Toc11402)

[三、系统明细 4](#_Toc30563)

一、产品概述

 本次开发包括‘肽结合预测模型可视化系统’以及‘癌症基因组综合分析系统’，完成模块化开发并集成SIAT方提供的算法，最终产品交付将以网站形态部署并交付。

## 需求总表

|  |
| --- |
| **功能总表** |
| **系统** | **功能点（用例）** | **描述** | **执行者** | **优先级** |
| 肽结合预测模型可视化系统 | 1. 预测肽结合MHC I 类分子可视化模块
2. 预测肽结合MHC II类分子可视化模块
 | 通过由siat提供的深度学习框架，实现可视化的预测肽结合MHC类分子 |  |   |
| 癌症基因组综合分析系统 | 1. 突变影响分析模块
2. 反转影响分析模块
3. 突变负荷分析模块
4. 突变搜索分析模块
5. AESA分析模块
6. 差异生存率分析模块
7. EGPR突变选择抑制分析模块
 | 构建了一系列功能模块用以可视化的实现基于MutEx数据库的数据分析工作 |  |  |
| 通用模块 | 1. 变量预处理功能
2. 数据格式转化
3. 文件读取功能
4. 文本上传下载功能
5. 选择功能
6. 序列转换功能
7. 输出功能
8. 算法实现并执行
 |  |  |  |
| 基本页面 | 1.介绍页2.相关模组3.相关文件下载4.教程页面5.联系方式6.其他 |  |  |  |

1. **系统明细**
2. **肽结合预测模型可视化系统**

1.1预测肽结合MHC I 类分子可视化模块

1.2预测肽结合MHC II类分子可视化模块

**2.** **癌症基因组综合分析系统**

* 1. 突变影响分析模块
	2. 反转影响分析模块
	3. 突变负荷分析模块
	4. 突变搜索分析模块
	5. AESA分析模块
	6. 差异生存率分析模块
	7. EGPR突变选择抑制分析模块

**3.通用模块**

|  |
| --- |
| * 1. 变量预处理功能
	2. 数据格式转化
	3. 文件读取功能
	4. 文本上传下载功能
	5. 选择功能
	6. 序列转换功能
	7. 输出功能

3.8算法实现并执行 |

**4.基本页面**

1.介绍页

2.相关模组

3.相关文件下载

4.教程页面

5.联系方式

6.其他