

# Тема: Развој и интеграција биоинформатичке платформе засноване на микросервисној архитектури

**Наставник: Милош Ивановић**

Током последње деценије, експоненцијално је нарасла количина информација које се тичу структуре протеина, експресије гена, лекова итд. У циљу презентације, интеграције, обраде и анализе велике количине таквих података, компјутерске науке су заузеле примарно место, па је отуда и настала потреба за биоинформатиком.

Данас су све чешће софтверске платорме које омогућавају смештање, претраживање и манипулацију овом врстом података. Неке од њих су постављене као интернет сервиси на тзв. Клауду, а садрже клиничке и генетске податке, процесе за моделовање и алгоритме за предикцију. Ову врсту интероперабилности обезбеђује концепт радних токова (*cloud workflows*). Поред радних токова, основну градивну компоненту сваке савремене биоинформатичке платформе чини микросервис и на њему базирана микросервисна архитектура. Софтвер заснован на овој архитектури има бројне предности, као што су независан развој, отпорност на грешке, скалабилност, итд.

Студент ће учествовати у конкретном пројекту изградње биоинформатичке платформе, где ће се упознати са захтевима, учествоваће у конципирању архитектуре, развоју везивних компоненти, контејнеризацији и изради тест процедура.

## Литература

1. Nagarajan P. An Over View of Bioinformatics. Trends in Biomaterials & Artificial Organs. 2004; 17(2): p. 4-8.
2. Common Workflow Language User Guide, [https://www.commonwl.org/user\\_guide/](https://www.commonwl.org/user_guide/), Фебруар 2020.
3. Spring Platform Guides, <https://spring.io/guides>, Фебруар 2020.
4. Lukas Krausse, Microservices: Patterns and Applications: Designing Fine-Grained Services by Applying Patterns, 2015.