

Tissue Microarray Database Application: Redesign using a "Model Driven Architecture" Approach

Abstract

Tissue Microarrays (TMAs) enable the simultaneous analysis of RNA, DNA, or protein expression in up to thousand tissue samples taken from normal and pathologically modified tissues. This technical development yielded the necessity to provide a tool which facilitates the analysis and archival storage of the large amounts of generated data.

The aim of this thesis was to improve the maintenance and portability of an existing web application for the management and analysis of tissue microarray data. Furthermore, advanced features had to be implemented to enhance the usability. In order to achieve this, the application has been redesigned and reimplemented using a "Model Driven Architecture" (MDA) approach.

The resulting Tissue Microarray database (TMADB) platform covers the complete tissue microarray workflow starting from microarray design to the concluding data analysis. It is based on the Java 2 Enterprise Edition technology which facilitates the development of distributed multi-tier architecture applications.

The assignment of MDA causes the creation of a UML model which describes the architecture of the created platform. This model can be transformed into deployable code by using AndroMDA, an open source MDA code generation framework. Thus, it was possible to concentrate on the implementation of complex business and presentation logic.

Keywords: Tissue Microarray, Reengineering , J2EE, MDA, AndroMDA

Neukonstruktion einer Datenbankapplikation für "Tissue Microarray" Experimente unter Verwendung eines Modell getriebenen Architektur Ansatzes.

Kurzfassung

Tissue Microarrays (TMAs) ermöglichen die simultane Analyse von DNA, RNA oder Protein Expressionen in bis zu tausend Gewebeproben, entnommen aus normalem und pathologisch veränderten Gewebe. Diese technische Entwicklung führte zu der Notwendigkeit ein Tool zu entwickeln, welches die Analyse und die Archivierungen der großen Datenmengen, welche bei der Verwendung von TMAs anfallen, ermöglicht.

Ziel dieser Arbeit war es die Wartbarkeit und Portabilität einer bestehenden Web Applikation für die Verwaltung und Analyse von Tissue Microarray Daten zu verbessern. Des weitern sollte die Bedienbarkeit, durch das Hinzufügen weiterer Funktionen, gesteigert werden. Um dies zu erreichen wurde die Applikation unter Verwendung eines Modell getriebenen Architektur- (Model Driven Architecture, MDA) Ansatzes neu entworfen und implementiert.

Die resultierende "Tissue Microarray database" (TMADB) Plattform umfasst den gesamten Tissue Microarray Arbeitsfluss (Workflow), beginnend bei dem Design der Microarrays bis zur abschließenden Datenanalyse. Diese Plattform basiert auf der sogenannten "Java 2 Enterprise Edition" Technologie, welche die Entwicklung von verteilten und mehrschichtigen Applikation unterstützt.

Die Verwendung des MDA-Ansatzes führte zu der Erstellung eines UML-Modells, welches die Architektur der erweiterten Plattform beschreibt. Mit Hilfe von AndroMDA, einem „open source“ MDA Codegenerator Framework, kann dieses Modell in einsetzbaren Code transformiert werden. Aus diesem Grund war es möglich sich auf die Implementierung der komplexen Teile der Geschäfts- und Präsentationslogik von TMADB zu konzentrieren.

Stichwörter: Tissue Microarray, Strukturverbesserung, J2EE, MDA, AndroMDA