

## Abstract

Tissue microarrays (TMA) provide a method for high-throughput molecular profiling of tissue specimens (e.g., cancer tissue). Up to 1000 specimens can be analysed in a single experiment. Data generated during TMA production, processing and evaluation has to be maintained to ensure experiment reproducibility and analysis. For this purpose a database application and a web interface for tissue microarray experiments was implemented.

The application was implemented based on a three-tier architecture using state-of-the-art Java technologies. Java-based technologies present a number of advantages, such as platform independence and a proven enterprise component architecture.

In addition, a web client was developed to provide easy access to the database application. Besides the standard maintenance functions, an integrated query editor allows to create custom queries in order to retrieve data in a flexible way.

Currently, basic image analysis algorithms are integrated in the application. In the future more sophisticated algorithms will be added. New analysis algorithms can be embedded into the applications business logic using a plug-in mechanism, easily configured in the web application.

**Keywords:** Tissue microarray, high-throughput molecular profiling, biomedical informatics, Java three-tier architecture, databases

## Kurzfassung

Tissue Microarrays (TMA) ist ein Verfahren für Hoch-Durchsatz Untersuchungen von (z.B.: Krebs-) Gewebeproben. Bis zu 1000 Gewebeproben können dabei in einem einzigen Experiment untersucht werden. Die erzeugten Daten, welche bei der Produktion, Verarbeitung und Auswertung anfallen, müssen gesammelt und gewartet werden, um die Reproduzierbarkeit von Experimenten und Analysen zu garantieren. Zu diesem Zweck wurde eine Datenbankapplikation und eine Webschnittstelle für Tissue Microarray Experimente entwickelt.

Die Applikation wurde basierend auf der 3-Stufen Architektur konzipiert und mit Hilfe der neuesten Java Technologien implementiert, um eine flexible und erweiterbare Anwendung zu erhalten. Auf Java aufbauende Technologien sind vorteilhaft, da sie Plattformunabhängigkeit gewähren und technisch ausgereifte Unterstützung von serverseitigen Komponentenarchitekturen (Enterprise-Technologie) zur Verfügung stellen.

Um möglichst einfachen Zugang zur Datenbank zu erlangen, wurde eine Weboberfläche entwickelt. Ein integrierter Abfrageeditor bietet die Möglichkeit benutzerdefinierte Abfragen zu erstellen, um Daten und Ergebnisse einfach und flexibel aus der Datenbank abfragen zu können.

Elementare Bildverarbeitungsalgorithmen zur Auswertung der TMAs sind in der Applikation integriert. In Zukunft werden neue Analysealgorithmen entwickelt werden, welche fortgeschrittener und ausgereifter sein werden. Diese können mit Hilfe eines Plug-In Mechanismus einfach in die Applikation hinzugefügt und über die WEB Oberfläche konfiguriert werden.

**Schlüsselwörter:** Tissue Microarray, Molekularanalysen mit großem Durchsatz, verteilte Java Softwarearchitektur, Bioinformatik, Datenbanken