Allelyser E4013

Matej Demovič, Josef Bryja, Vendula Milotová, Zuzana Šupolíková

3. května 2024

Workflow

Fáza 0

- Porozumenie biologickej problematike √
- Základná práca s LATEX a
- Rozdelenie si programu na jednotlivé funkcie √

Fáza 1

- Individuálna práca na jednotlivých funkciách √
- Prepojenie funkcií a vytvorenie funkčného programu bez grafickej reprezentácie √
- Doplnenie dodatočných funkcií po dosiahnutí základnej funkčnej kostry programu √

Fáza 2

- Vytvorenie aplikácie v ^(a), vytvorenie UX pre neštatistikov √
- Grafická optimalizácia aplikácie



Fáza 2

Pôvodný plán práce

- Vyriešiť problémy v programe
- Vytvoriť aplikáciu v
- Prípadné doplnenie funkcií pre ďalšie analýzy

Fáza 2

Postup vytvorenia aplikácie

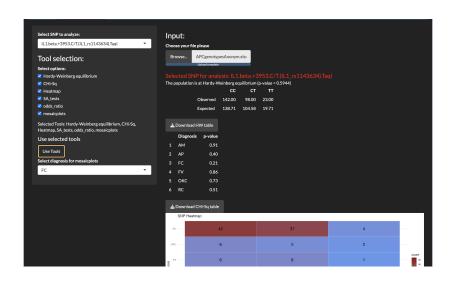
- Naučiť sa pracovať s 🦃
- Kód funkcií v R (Fáza 1)
- Spustenie grafického rozhrania aplikácie v
- Oprava problémov

Fáza 2

Funkcionalita

- Uživateľ vloží súbor s datami
- Z možností si uživateľ vyberie celý dataset alebo konkrétny SNP, ktorý chce analyzovať
- Uživateľ si zvolí z možností požadovanú analýzu (HWE, CHiSq, SNPHeatmap, ...)

Aplikácia



Problémy

Vyriešené

- Filtrácia hodnot
- Oprava SNP
- Inštalácia potrebných materiálov pre aplikáciu

Nasledujúci plán / pre budúce ročníky

- Report
- LD plot
- Funkcia pre výber počtu diagnóz, na ktorých sa spustia zvolené analýzy
- Selektovanie vzoriek do skupín (others/ vymazanie)

ĎAKUJEME ZA POZORNOSŤ



ĎAKUJEME ZA POZORNOSŤ smazat pro jistotu

