*Команда: Вартанян Надежда, 225, Перегуд Юлия, 225, Пахомова Света, 225, Решетникова Зоя, 222*

1. Мастер подбора праймеров:
   1. простых;
   2. для создания мутаций в генах;
   3. анализ:
      * false priming sites;
      * «самокомплементарности» праймеров;
      * комплементарности праймеров друг другу;
   4. температура отжига (!) – алгоритм проходит через всю часть программы;
   5. другие биологические критерии (!!!);
   6. общение с пользователем (**на любом этапе** должна быть возможность самостоятельной правки);
   7. выведение отчета о работе программы на финише (почему праймер получился именно таким);
   8. …
2. Ввод данных в программу и оформление main sequence:
   1. поиск и анализ существующих форматов представления последовательности ДНК (примеры некоторых форматов есть здесь: <http://www.bioinformatics.org/seqext/>);
   2. автоматическое распознавание формата файла;
   3. отображение в главном окне **со всеми «features»**, которые предоставляет данный формат;
   4. возможность добавления своих «фишек» (например, новой мутации);
   5. возможность представления ДНК в разных форматах (пользователь сам должен выбрать):
      * только главная нить,
      * только вспомогательная нить,
      * две нити параллельно,
      * две нити одновременно, но в разных частях окна,
      * графическое представление (разноцветные полоски) ;
   6. интерактивность (информация о текущем положении должна выводиться частично при наведении мыши, частично по щелчку):
      * координата от начала молекулы,
      * ген,
      * экзон/интрон,
      * текущая аминокислота,
      * …
   7. стоит позаимствовать что-то из принципов Википедии (если встретилось название аминокислоты, то хорошо бы сделать ссылку на справочную информацию о ней…)
   8. …
   9. <http://www.addgene.org/browse/sequence_vdb/2842/> - стоит заглянуть на этот сайт, там дан неплохой пример оформления. Но мы можем сделать лучше . Как минимум, там нет выделения генов и других features в тексте генетического кода.
3. Codon frequency in different organisms – connection with the database on the Internet. <http://www.kazusa.or.jp/codon/> - БД в интернете, к которой можно попробовать подключиться. Возможно, есть другие подобные БД.
4. Таблица рестриктаз:
   1. рестриктаза,
   2. сайт разрезания,
   3. буфер,
   4. …
   5. возможность добавления данных пользователем (прямо из окна программы).
5. Таблица генетического кода в удобном представлении:
   1. кодоны:
      * ДНК,
      * кДНК,
      * мРНК,
   2. возможность поиска по аминокислоте/кодону;
   3. связь с частотой встречаемости кодонов;
   4. связь со справочной информацией по аминокислотам;
   5. можно пофантазировать. Например, вывести обыкновенную таблицу генетического кода, а рядом – поле для ввода данных. Если в это поле ввести кодон/название аминокислоты/шифр аминокислоты, то мгновенное выделение в таблице соответствующей ячейки будет очень классно смотреться.