# Pflichtenheft GeneticQuiz

## Zielbestimmung

Anwender können mit der Software ihre genetischen Wissen testen, d.h. man kann von eine zufällige generierte DNA-Sequenz die Sequenz von cDNA, mRNA oder Protein in beider Richtungen schreiben und wiesen ob diese richtig oder falsch ist.

### Musskriterien

* Der Benutzer kann wählen, von einer zufälligen DNA-Sequenz, welche genetischen Prozess er üben möchte (Replication [cDNA], Transkription [mRNA] oder Translation [Protein]).
* Der Benutzer kann die Anzahl Nukleotiden von cDNA oder mRNA feststellen.
* Der Benutzer kann die Anzahl Aminosäuren feststellen.
* Der Benutzer kann wählen in welcher Richtung die Sequenzgelesen wird. (vorwärts, oder rückwärts)
* Der Benutzer kann wählen mit welchem genetischen Code er arbeiten möchte.
* Der Benutzer kann eine String-Kette (cDNA, mRNA oder Protein) eintippen.
* Genetische Code
  + Die Anwendung speichert verschiedenen genetischen Code(Standard und Vertebrate Mitochondrial) mit der Übersetzung der Codonen von mRNA (3 Buchstaben) in Aminosäuren (1 Buchstabe).
* **DNA - cDNA**
  + Die Anwendung generiert, je nach Anzahl Nukleotiden, eine DNA-Sequenz.
  + Falls die selektierte Richtung rückwärts ist, wird die erzeugte DNA-Sequenz invertiert.
  + Die Anwendung übersetzt die erzeugte DNA-Sequenz in eine cDNA-Sequenz.
    - Übersetzung: A durch T, Cdurch G, Gdurch C, Tdurch A.
  + Die cDNA-Sequenz wird gespeichert und mit der vom Anwender eingetippten String-Kette verglichen.
  + Falls die eingetippte String-Kette unterschied mit der cDNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „Fehler“-Meldung und die richtige Sequenz.
  + Falls die eingetippte String-Kette gleich mit der cDNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „OK“-Meldung und die Sequenz.
* **DNA - mRNA**
  + Die Anwendung generiert, je nach Anzahl Nukleotiden, eine DNA-Sequenz.
  + Falls die selektierte Richtung rückwärts ist, wird die erzeugte DNA-Sequenz invertiert.
  + Die Anwendung übersetzt die erzeugte DNA-Sequenz in eine mRNA-Sequenz.
    - Übersetzung: A durch U, C durch G, G durch C, T durch A.
  + Die mRNA-Sequenz wird gespeichert und mit der vom Anwender eingetippten String-Kette verglichen.
  + Falls die eingetippte String-Kette unterschied mit der mRNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „Fehler“-Meldung und die richtige Sequenz.
  + Falls die eingetippte String-Kette gleich mit der mRNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „OK“-Meldung und die Sequenz.
* **DNA – Protein**
  + Die Anwendung generiert, je nach Anzahl Aminosäuren, eine DNA-Sequenz.
  + Falls die selektierte Richtung rückwärts ist, wird die erzeugte DNA-Sequenz invertiert.
  + Die Anwendung übersetzt die erzeugte DNA-Sequenz in eine mRNA-Sequenz.
    - Übersetzung: A durch U, C durch G, G durch C, T durch A.
  + Die mRNA-Sequenz wird gespeichert und wird, je nach genetischem Code, in Protein übersetzt.
  + Die Protein-Sequenz wird gespeichert und mit der vom Anwender eingetippte String-Kette vergleichen.
  + Falls die eingetippte String-Kette unterschied mit der mRNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „Fehler“-Meldung und die richtige mRNA- und Protein-Sequenz.
  + Falls die eingetippte String-Kette gleich mit der mRNA-Sequenz ist, zeigt die Anwendung eine „OK“-Meldung und die mRNA- und Protein-Sequenz.

### Wunschkriterien

* Zeigen der richtigen cDNA, mRNA und Protein, wenn der Benutzer eine falsche Sequenz eingetippt hat.
* Zeigen der mRNA und Protein, wenn der Benutzer die Option von DNA zu Protein gewählt hat.

## Produktionseinsatz

* Open Source

### Anwendungsbereiche

* Desktop Rechner

### Zielgruppen

* Studierende der Schule oder Studium
  + Privatanwender
  + Unternehmen

## Produktumgebung

* Das Produkt läuft auf einem Arbeitsplatzrechner

### Software

* OS: Windows 7 oder hoher, Linux, MacOS mit Java SE Runtime Environment 7 oder hoher.

### Hardware

* PC mit mind. 512 MB RAM, 50 MB freier Festplattenspeicher, VGA Grafik.

## Produktfunktionen

### Eingaben

* /F10/

Eingabe des genetischen Prozess (Replikation, Transkription, Translation),

* /F20/

Eingabe der Anzahl Nukleotide/Aminosäure

* /F30/

Richtung für die Lektüre der Sequenz.

* /F40/
* Eingabe dem genetischen Code, wenn die Translation in /F10/ gewählt ist.
* /F50/

Eingabe der Query-Sequenz

### Erzeugung der DNA-Sequenz

* /F210/

Je nach Funktionen /F10/, /F20/ und /F30/ wird eine DNA-Sequenz generiert.

### Erzeugung der X-Sequenz

* /F220/

Je nach Funktionen /F10/, /F30/ und /F40/wird die DNA-Sequenz von / F210/ in eine X-Sequenz umgewandelt.

### Test der Query-Sequenz

* /F310/

Vergleicht die Query-Sequenz von /F50/ mit der X-Sequenz von /F220/ und liefert das Ergebnis.

## Produktdaten

### DNA-Sequenz-Daten

* /D10/

Von eine zu erzeugende DNA-Sequenz sind die folgende Daten zu speichern.

/LD10/

* genetischen Prozess (Replikation, Transkription, Translation),
* Eingabe der Anzahl Nukleotide/Aminosäure
* Richtung für die Lektüre der Sequenz.
* /D20/

Von eine zu erzeugende X-Sequenz sind die folgende Daten zu speichern.

/LD20/

* genetischen Prozess (Replikation, Transkription, Translation),
* Richtung für die Lektüre der Sequenz.
* Genetischer Code (nur für die Translation)

## Produktleistungen

* /L10/

Reaktionszeiten dürfen nicht länge als 2 Sekunden benötigen.

## Benutzerstelle

* /B10/

Ist eine menüorientierte Bedingung vorzusehen.

* /B20/

Die Bedienungsoberfläche ist auf Maus- und Tastaturbedienung auszulegen

## Qualitätsbestimmung

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Produktqualität | Sehr gut | Gut | Normal | Nicht relevant |
| **Funktionalität** |  |  |  |  |
| Angemessenheit |  | X |  |  |
| Richtigkeit | X |  |  |  |
| Interoperabilität |  |  |  | X |
| Ordnungsmäßigkeit |  |  | X |  |
| Sicherheit |  |  | X |  |
| **Zuverlässigkeit** |  |  |  |  |
| Reife |  |  |  | X |
| Fehlertoleranz |  |  |  | X |
| Widerherstellbar |  |  | X |  |
| **Benutzbarkeit** |  |  |  |  |
| Verständlichkeit |  | X |  |  |
| Erlernbarkeit |  |  | X |  |
| Bedienbarkeit |  | X |  |  |
| **Effizienz** |  |  |  |  |
| Zeitverfahren | X |  |  |  |
| Verbrauchsverhalten |  | X |  |  |
| **Änderbarkeit** |  |  |  |  |
| Analysierbarkeit |  |  | X |  |
| Modifizierbarkeit |  |  | X |  |
| Stabilität |  | X |  |  |
| Prüfbarkeit |  |  | X |  |
| **Übertragbarkeit** |  |  |  |  |
| Anpassbarkeit |  |  | X |  |
| Installierbarkeit |  |  |  | X |
| Konformität |  |  | X |  |
| Austauschbarkeit |  |  |  | X |

## Benutzerstelle

Folgende Funktionen sind zu überprüfen

* /T10/

Die erzeugende DNA-Sequenz muss nur die Zeichen: A,C,G,T.

* /T20/

Die Anzahl Zeichen der DNA-Sequenz muss konsistent mit der Eingabe von /F20/ sein.

* /T30/

Die generierte X-Sequenzen müssen konsistent mit den genetischen Prozessen /F220/ sein

* /T40/

Wenn die Query-Sequenz gleich wie die X-Sequenzen ist, muss /F310/ true liefern, sonst false.

## Entwicklungsumgebung

* offen