

# Projekt Semestralny

# Programowanie Obiektowe

Aleksander Gostyński-Glina 2 sem. bioinformatyka

# Super Turbo DNA Tool - Aplikacja do dopasowywania sekwencji genetycznych

The screenshot displays the 'Super Turbo DNA Tool' application window. The interface is divided into several sections:

- Sequence 1:** A large text area for inputting the first DNA sequence. Below it is a 'Load from FASTA file' button.
- Sequence 2:** A second large text area for inputting the second DNA sequence. Below it is another 'Load from FASTA file' button.
- Score Settings:** A panel on the right with three spinners for adjusting alignment scores: 'Match' (set to 1), 'Mismatch' (set to -1), and 'Gap' (set to -2).
- History:** A vertical panel on the far right with a 'Load' button at the bottom, used for viewing previous alignment results.
- Process Data:** A button located centrally below the sequence input areas, which likely triggers the alignment calculation.
- Output Area:** A large, empty white rectangular box at the bottom of the window, intended for displaying the alignment results.

# Możliwości aplikacji: globalne dopasowanie dwóch sekwencji genetycznych za pomocą algorytmu Needlemana-Wunscha

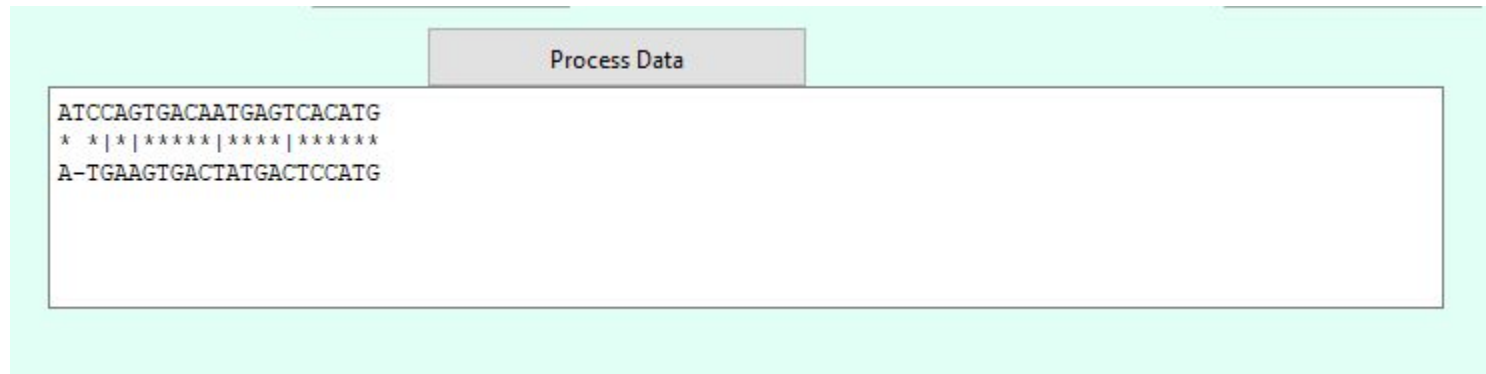
## Sequence 1

> Sekwencja pierwsza  
ATCCAGTGACAATGAGTCACATG

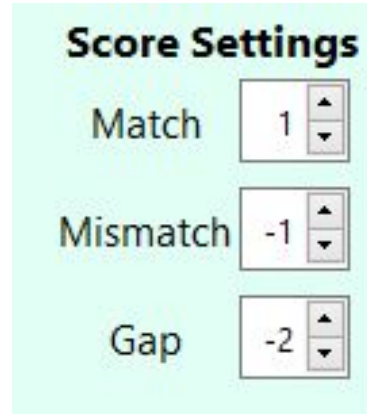
## Sequence 2

> Sekwencja druga  
ATGAAGTGACTATGACTCCATG

# Możliwości aplikacji: globalne dopasowanie dwóch sekwencji genetycznych za pomocą algorytmu Needlemana-Wunscha



# Możliwości aplikacji: ustawianie punktacji algorytmu dopasowania



A screenshot of a 'Score Settings' dialog box. It has a light blue background and a title bar. The title 'Score Settings' is in bold black text. Below the title, there are three rows of settings. Each row consists of a label on the left and a numeric input field on the right. The input fields are white with a thin border and a small vertical spinner on the right side. The first row is labeled 'Match' and has the value '1'. The second row is labeled 'Mismatch' and has the value '-1'. The third row is labeled 'Gap' and has the value '-2'.

Score Settings	
Match	1
Mismatch	-1
Gap	-2

# Możliwości aplikacji:

## Obliczanie procentowego udziału cytozyny i guaniny w sekwencjach

### Sequence 1

> Sekwencja pierwsza  
ATCCAGTGACAATGAGTCACATG

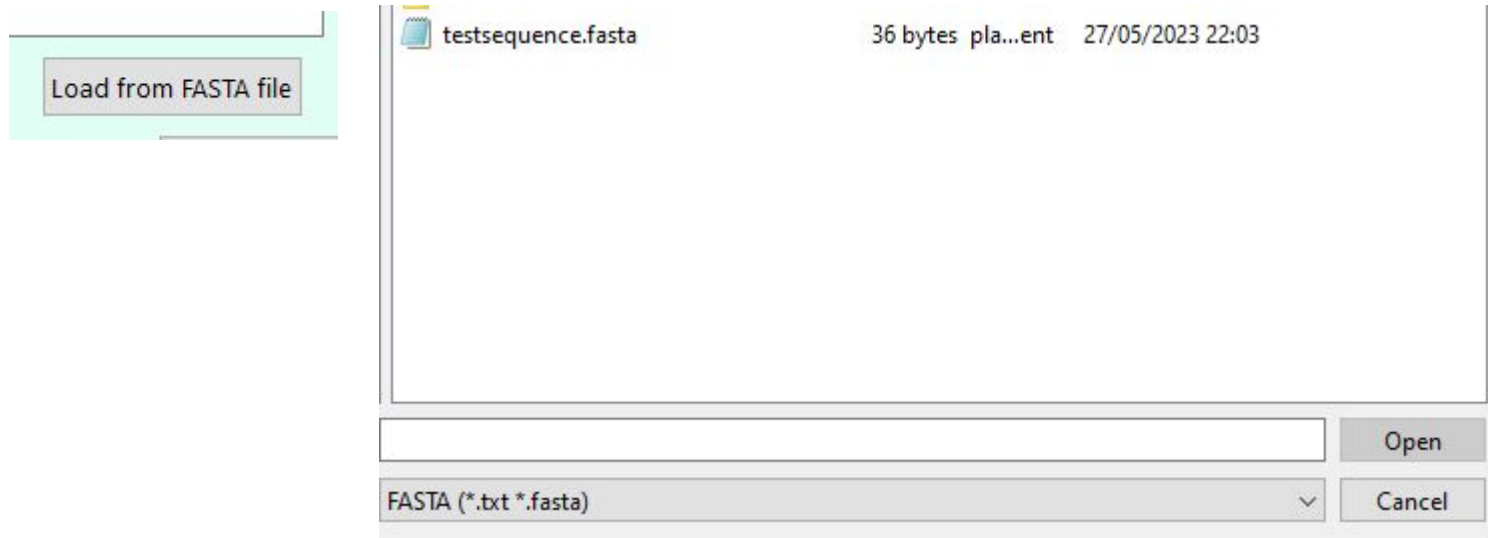
GC Content: 43.478

### Sequence 2

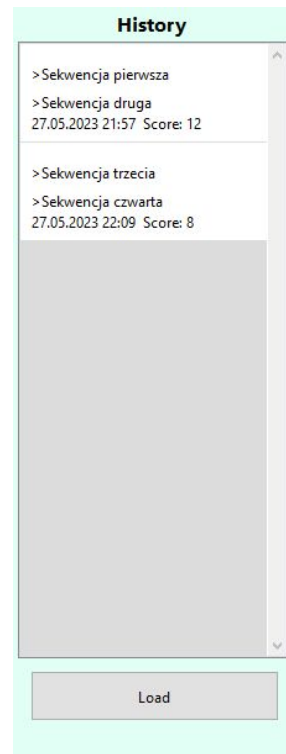
> Sekwencja druga  
ATGAAGTGACTATGACTCCATG

GC Content: 40.909

# Możliwości aplikacji: wczytywanie danych z plików .txt i .FASTA



# Możliwości aplikacji: zapisywanie dopasowań w historii oraz wczytywanie ich z historii





# Napotkane problemy

- Programowanie zgodnie z zasadami oop
- Próby implementacji wszystkich elementów oop pokazanych na zajęciach
- Tworzenie własnej implementacji algorytmu Needlemana-Wunscha
- Tworzenie poprawnej komunikacji pomiędzy klasami i funkcjami

# Czego się nauczyłem?

- Tworzenia wartościowych funkcji typu “get” które zwracają użyteczne dane i nie mają w nazwie słowa “get”
- Programowania tak, by tworzyć gotowe obiekty i nie musieć edytować ich zmiennych prywatnych gdy to możliwe
- Obsługi środowiska QT

# Co można by poprawić?

- Implementację algorytmu globalnego dopasowania
- Sprawdzanie poprawności inputu od użytkownika
- Ujednolicić nazwy zmiennych mających te same lub podobne zastosowania w różnych miejscach w programie

# Informacja

Wszystkie zastosowane funkcje typu “get” i “set” są funkcjami środowiska QT i nie zostały napisane przeze mnie.