

Background

Fasta bestanden zijn qua vorm vrij simpel; een header en een DNA of RNA sequentie. Echter, is dit lastig om te lezen en weet men alleen dat de nucleotiden in een bepaalde volgorde staan.

Objectives

1. Weergave nucleotide percentage kunnen geven van elke nucleotide;
2. Weergave hoeveelheid codons/aminozuren;
3. Mogelijke weergave eiwitsequentie (gebruiker kan kiezen of deze van belang is);
4. Mogelijk andere ideeën die later opkomen.

Visualisation

1. Nucleotide percentage: taartdiagram of tabel
2. Weergave codons: staafdiagram of tabel
3. Eiwitsequentie: output file

Scope

1. Een werkende website
2. Product moet juiste informatie weergeven
3. Verschillende elementen van het bestand kunnen uitleggen?

Timeframe

?

Monitoring and evaluation

Dit idee zou elk fasta bestand moeten kunnen inlezen en de gewenste resultaten laten zien. Hiervoor kan er elk fasta bestand worden ingevoerd.