

המחלקה להנדסת תוכנה

פרויקט גמר – תשע"ו

בנאי פריימרים ל-DNA

DNA PRIMER BUILDER

מאת:

אמיר ארז - 203822248

אור ברדוגו - 302891551

מנחה אקדמי: ד"ר יהודה חסין
רכז הפרויקטים: מר אסף שפיינר
אישור: תאריך:
אישור: תאריך:

#	מערכת	מיקום
1	מאגר קוד	github.com/erezam/DNA-PRIMER-BUILDER
2	יומן	https://github.com/erezam/DNA-PRIMER-BUILDER/wiki/Project-Diary
3	ניהול פרויקט (אם בשימוש)	
4	הפצה	

תוכן עניינים

3	מילון מונחים:
4	מבוא
5	תיאור הבעיה
5	דרישות ואפיון הבעיה
6	הבעיה מבחינת הנדסת תוכנה
6	תיאור הפתרון
6	מהי המערכת
8	Sequence diagram
9	תיאור הפתרון המוצע
9	תיאור הכלים המשמשים לפתרון
10	סקירת עבודות דומות בספרות והשוואה
14	נספחים
14	רשימת ספרות \ ביבליוגרפיה
14	תכנון הפרויקט
15	טבלת סיכונים
16	טבלת דרישות

מילון מונחים:

- DNA - מולקולת ענק המורכבת ממספר רב של נוקליאוטידים המאורגנים במבנה של סליל כפול. כל המידע התורשתי הדרוש לבניית החלבונים בתא אצל כל האורגניזמים הידועים, מחידקים ועד לבני אדם, מוצפן באחת או יותר מולקולות DNA שרצף הנוקליאוטידים בהן מיוחד לכל אורגניזם.
- נוקליאוטידים - קבוצה של תרכובות אורגניות. הנוקלאוטידים נמצאים בכל היצורים החיים, ומרכיבים, בין השאר, את החומר התורשתי. מיוצגים באותיות T, A, G, C.
- פריימר - מקטע קצר של חומצת גרעין המסייע בתהליך שכפול ה-DNA.
- מוטציה - הוא מונח בביולוגיה המתאר שינוי ברצף הנוקלאוטידים ב-DNA, דהיינו, שינוי בהרכב הגנטי של יצור מסוים. שינוי כזה עשוי להביא לשינוי באחת או יותר מתכונות היצור החי.
- PCR - היא שיטה מעבדתית המשמשת לשכפול מזוהז של מקטעי DNA. נהוג להשתמש ב-PCR לסריקה אחר מחלות גנטיות ולביצוע ניתוח השוואתי של DNA מאוכלוסיות שונות.
- אקסון – רצף נוקלאוטידים ב-DNA המהווה חלק מגן ואשר מקודד לחומצות אמינו. שאר חלקי הגן אשר אינם מקודדים לייצור חלבון קרויים אינטרונים.
- טרנסקריפט – Transcript - תהליך בביולוגיה של התא שבו מולקולת RNA מיוצרת לפי תבנית של מולקולת DNA, חיבור כל האקסונים בגן מסוים.

מבוא

הפרויקט מבוצע כפרויקט מחקרי בשיתוף עם פרופ' _____ מבית החולים שיבא.

הפרויקט עוסק בתוכנה לבניית פריימרים לבדיקות גנטיות ב-DNA במכונת PCR. מהו פריימר?

תָּחֵל (באנגלית: Primer; בתעתיק לעברית לעתים, במיוחד בעגה המדעית: פְּרִימֶר) הוא מקטע קצר של חומצת גרעין המסייע בתהליך שכפול ה-DNA.

אורכו של התחל הוא כ-20 נוקלאוטידים. הסיבה לקיומו היא אי-יכולתו של האנזים DNA פולימראז להתחיל ביצירת גדיל חדש של DNA; האנזים, האחראי על שכפול DNA בתא, מסוגל אך ורק להאריך גדיל DNA קיים. התחל מספק לאנזים נקודת התחלה ליצירת גדיל חדש.

תחלים מיוצרים באופן מלאכותי על ידי חברות ביוטכנולוגיה ומשמשים רבות בשיטות בגנטיקה ובביולוגיה מולקולרית, כדוגמת PCR.

PCR היא שיטה מעבדתית המשמשת לשכפול מזוזר של מקטעי DNA. נהוג להשתמש ב-PCR לסריקה אחר מחלות גנטיות ולביצוע ניתוח השוואתי של DNA מאוכלוסיות שונות, כולל DNA ממנים נכחדים. השיטה חיונית לפענוח פשעים ולקביעת אבהות.

עקרון הפעולה של המכשיר כולל 3 שלבים בכל מחזור: פרימה (Denaturation; דנטורציה בחום), איחוי (Annealing) של תָּחֵלִים (פריימרים) מתאימים לקצוות המקטע שאותו רוצים לשכפל והארכה (Elongation) באמצעות אנזים DNA פולימראז העמיד לחום, המכונה Taq DNA פולימראז. המכשיר חוזר על שלבים אלו, של מחזור ההכפלה, כמה עשרות פעמים (בדרך כלל 25-30), עד להגברה המבוקשת של המקטע.

התוכנה שנבנה בפרויקט תבנה פריימר (סטרינג באורך של 13-28 תווים) בהתאם לדרישה לחיפוש גן מסוים במכונת PCR, לבניית הפריימר מספר אילוצים בהם נעסוק בהמשך.

התוכנה תבנה כאפליקציית רשת הפתוחה לשימוש פומבי ותיעזר במאגרי מידע קיימים לנתונים הנחוצים על ה-DNA.

תיאור הבעיה

הבעיה הקיימת הינה מציאת פריימר מתאים עבור בדיקה גנטית במכונת PCR .
הסביבה בה קיימת הבעיה היא בתחום המחקר והרפואה.

דרישות ואפיון הבעיה

תת פרק זה מכיל אפיון של הדרישות מנקודת מבט המשתמש. למשל עבור פרויקט המציג מסכים ותפריטים למשתמש – תת פרק זה יתאר את המסכים העיקריים.
הנספח יכיל את רשימות הדרישות מהפרויקט.

כאשר רופא או חוקר מעוניין לבצע שימוש במכונת PCR עליו למצוא פריימר מתאים לבדיקה.
כיום ישנן מספר דרכים למציאת הפריימר המתאים:

- מנועי חיפוש לפריימרים ידועים, עבור גנים שהחיפוש שלהם שכח קיימים פריימרים תקינים וידועים.
- תוכנות לבניית פריימרים, תוכנות לבניית פריימרים בהתאם לגן ודרישות מסוימות.
- בניה ידנית של פריימר.

הפריימר הוא למעשה 2 פריימרים, forward primer ו reverse primer בהם משתמשים בבדיקה.
לצורך מציאת פריימר מתאים לגן יש צורך לעמוד במספר אילוצים:

1. אורך הפריימר צריך לנוע בטווחים של 13-28 אותיות, כאשר 20 אותיות הוא האורך האופטימלי.
2. Junction Exon 40%-60
3. טמפרטורה T_m צריכה לנוע בין 60-70 מעלות צלזיוס, כאשר הטמפרטורה האופטימלית היא 65.
4. אסור שיהיה הבדל הגדול מ 5 מעלות בין ה forward primer לבין ה reverse primer.
5. אחוז קשרי ה GC (G,C) הם 2 נקלאוטידים) צריך לנוע בטווח של 40%-60%.
6. אמפליקון 50-1200 ???
7. בדיקת ה alignment
8. הפריימר לא יתחיל בנוקלאוטיד G.
9. אסור שהפריימר יכיל רצף של 4 G ויותר.
10. אסור שהפריימר יכיל רצף של 6 A ויותר.
11. אסור שהפריימר יסתיים ברצף GGG או GGAG
12. אסור רצף של CC

כאשר מדובר בבנייה ידנית או בבנייה בעזרת תוכנה קיימת שלא מצאה פריימר לגן, יש צורך לבצע "משחק" בטווחי הפרמטרים השונים של האילוצים על מנת לנסות למצוא פריימר, בגלל ריבוי האילוצים והטווחים הקיימים בכל אילון דבר זה עשוי לקחת זמן רב.
הבעיה היא מציאת הפריימר ה"אופטימלי" ללא התערבות אדם.
כלומר, פריימר העומד בכל האילוצים ומתחשב גם במוטציות של הגן הנבדק ושנמצא רק על ידי התוכנה ללא שינוי ידני של פרמטרי האילוצים.

הבעיה מבחינת הנדסת תוכנה

מבחינת הנדסת תוכנה, אפשר להתייחס למקטעים ב DNA (בין השאר גנים) כסטרינג. הבעיה המרכזית מבחינת הנדסת תוכנה תהיה בניית האלגוריתם לבדיקת העמידה באילוצים. קיימים 18 אילוצים על הפריימר (סטרינג) שנרצה להרכיב. האלגוריתם יידרש למצוא את הפריימר בזמן סביר (שעות עד ימים). התוכנה תבדוק טווחים שונים של אילוצים ותציג באילו טווחים הפריימר שנמצא עומד. כמו כן נתחבר למסדי נתונים חיצוניים בכדי למשוך מידע על רצפי DNA ועל מוטציות מוכרות, יש צורך לבדוק כיצד להתחבר בעזר ה API של האתרים, ולשלוף את המידע הרצוי.

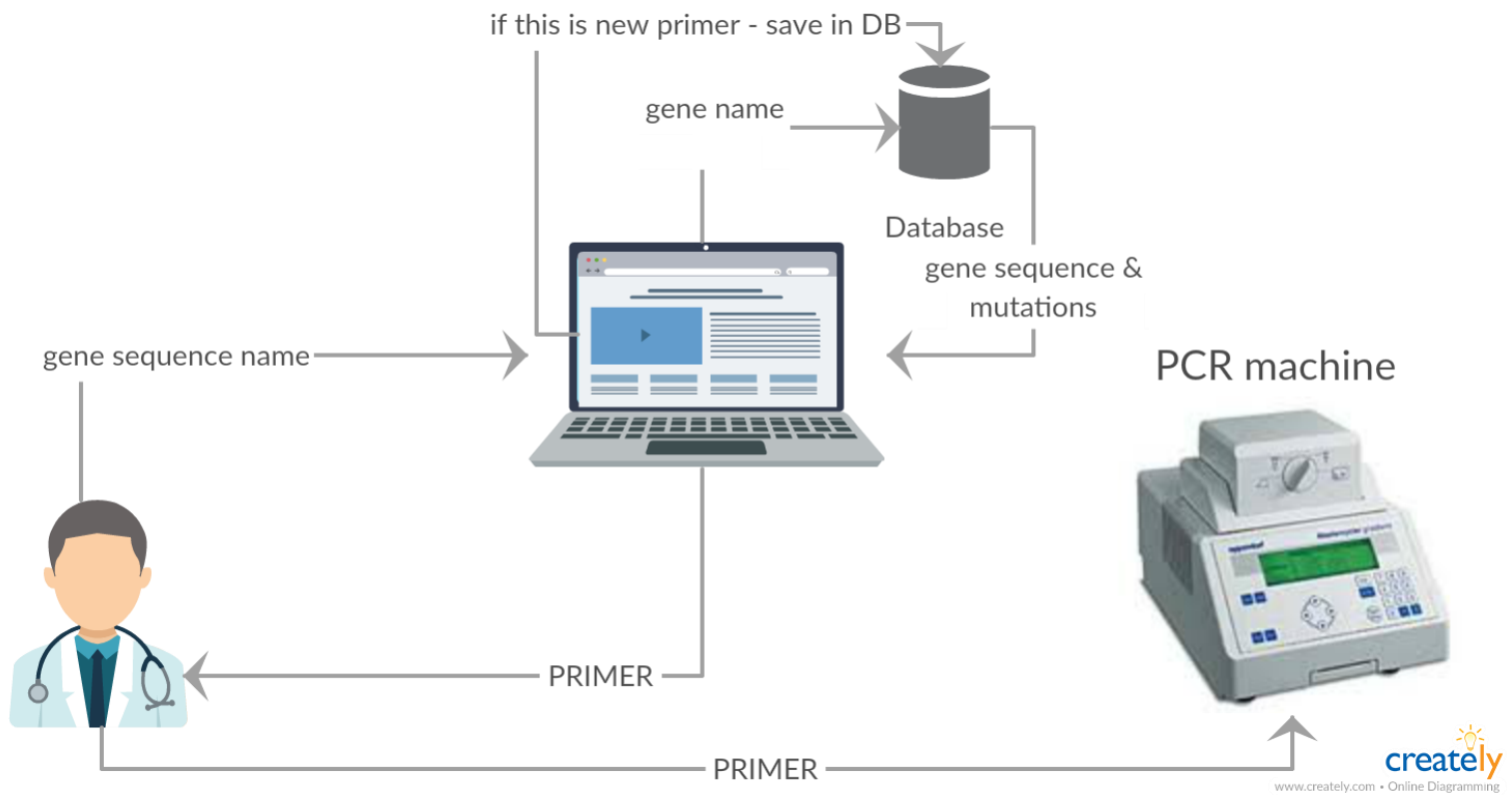
תיאור הפתרון

מהי המערכת

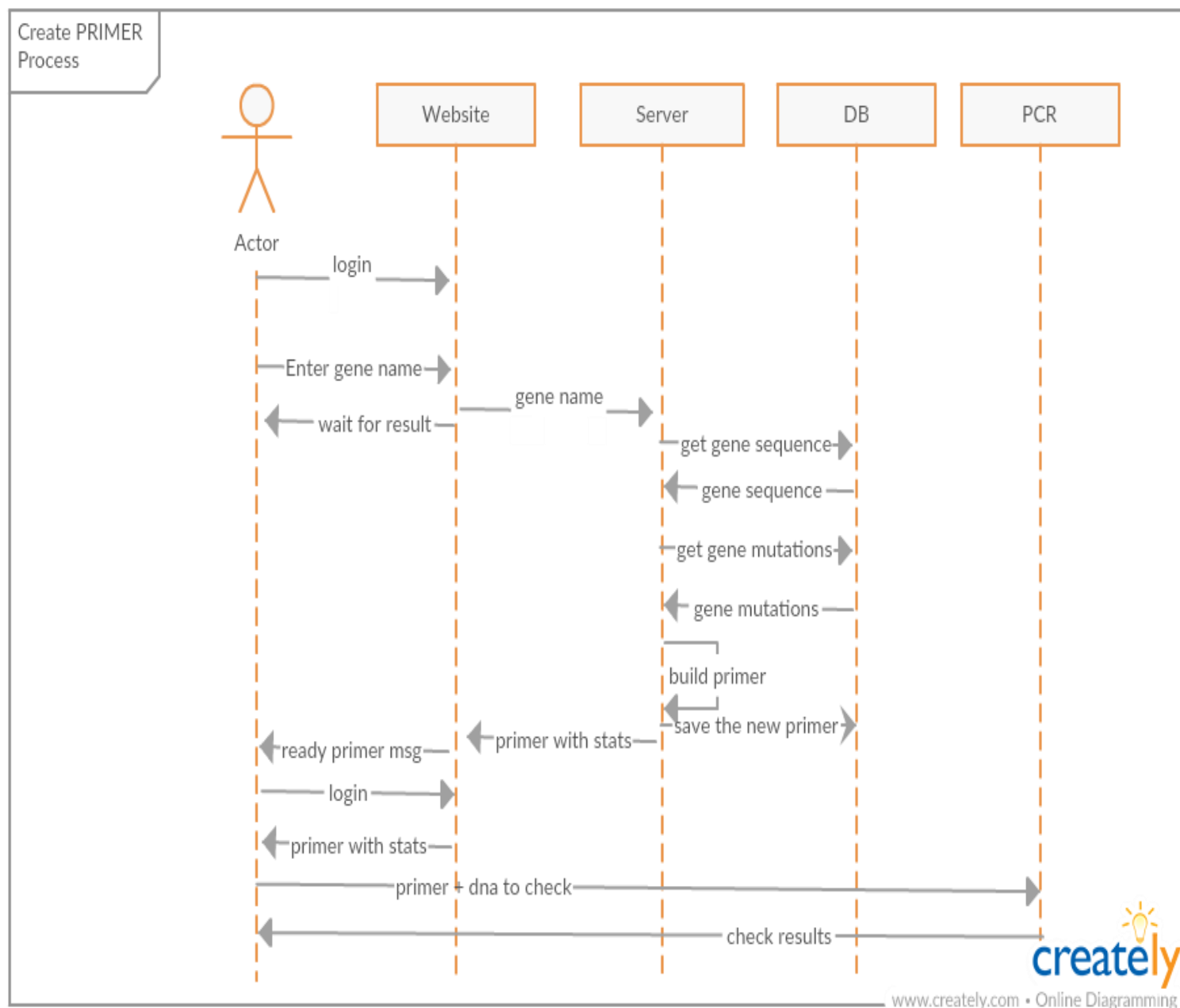
התרשימים הבאים מתארים את תהליך העבודה בבדיקה הגנטית בעזרת התוכנה שלנו :

1. החוקר/הרופא מזין לאתר את שם הגן אותו הוא מעוניין לבדוק.
2. התוכנה שלנו פונה למסד הנתונים לקבלת רצף הגן המבוקש והמוטציות המוכרות שלו.
3. התוכנה תבדוק האם קיים פריימר לגן המבוקש.
4. במידה ולא קיים פריימר, התוכנה תבנה את הפריימר בעזרת האלגוריתם.
5. התוכנה תחזיר לחוקר את הפריימר המבוקש ודוח לגבי הסטיות באילוצים.
6. נבדוק אפשרות לבצע שמירה של הפריימר שנוצר בעזרת המערכת על מנת למנוע עבודה חוזרת של התוכנה על גן עליו בוצע חיפוש בעבר.
7. החוקר ישתמש בפריימר במכונת ה PCR להמשך הבדיקה.

תרשים תפקידים כללי :



Sequence diagram



תיאור התרחיש על ציר זמן.

תיאור הפתרון המוצע

הפתרון המוצע יכלול אתר אינטרנט שיהיה נגיש לכל אחד, באתר יוזן שם של גן לפי קונבנציה מסוימת עליה נחליט (כיום יש מספר קונבנציות לשמות הגן). לאחר הזנת השם התוכנה תבצע בדיקה האם קיים פריימר עבור הגן הנ"ל, במידה ולא קיים התוכנה תשלוף בעזרת API את רצף הגן ואת המוטציות המוכרות באותו גן, כרגע ככל הנראה מהאתר [ensembl](#), התוכנה תבצע עיבוד של הנתונים ויצירת הפריימר ע"פ אלגוריתם שנבנה – האלגוריתם ייבנה לענות על האילוצים שהוזכרו בתיאור הבעיה, האלגוריתם אמור להיות יעיל ככל האפשר ולפי הידע שיש לנו כעת בתחילת הפרויקט זמן הריצה אמור להיות בטווח של שעות עד ימים. ברגע שנבנה פריימר מתאים, יישלח מייל להתראה כלשהי למשתמש עם קישור לדף שיציג לו את הפריימר ואת הדוח שיופק ויסביר למשתמש באילו טווחים של האילוצים יוצר הפריימר הנ"ל. לאחר יצירת הפריימר נבדוק האם קיימת אפשרות לבצע שמירה של הפריימר בDB כדי למנוע עבודה מיותרת של התוכנה ובזבוז זמן על חישובים חוזרים לגנים שכבר יוצר עבורם פריימר.

תיאור הכלים המשמשים לפתרון

שפת התכנות בה נשתמש:

- אנו נשתמש בשפה JAVA SCRIPT לכתיבת התוכנה ואתר ה WEB.
- ננסה לעבוד עם DB של אתר חיצוני, אך אם יהיה צורך לשמור פריימרים חדשים ולא נצליח לעדכן את הDB של האתר החיצוני נקים DB שישתמש ככל הנראה בשפת SQL.

חומרה:

- יש צורך לתחזק מחשב חזק – שרת שעליו ירוץ האלגוריתם ויבוצע עיבוד הנתונים, משום שדרושים חישובים רבים יש צורך במחשב בעל כוח עיבוד גדול.

סקירת עבודות דומות בספרות והשוואה

בפרק זה נבחן את המוצרים הדומים הקיימים כיום בשוק:

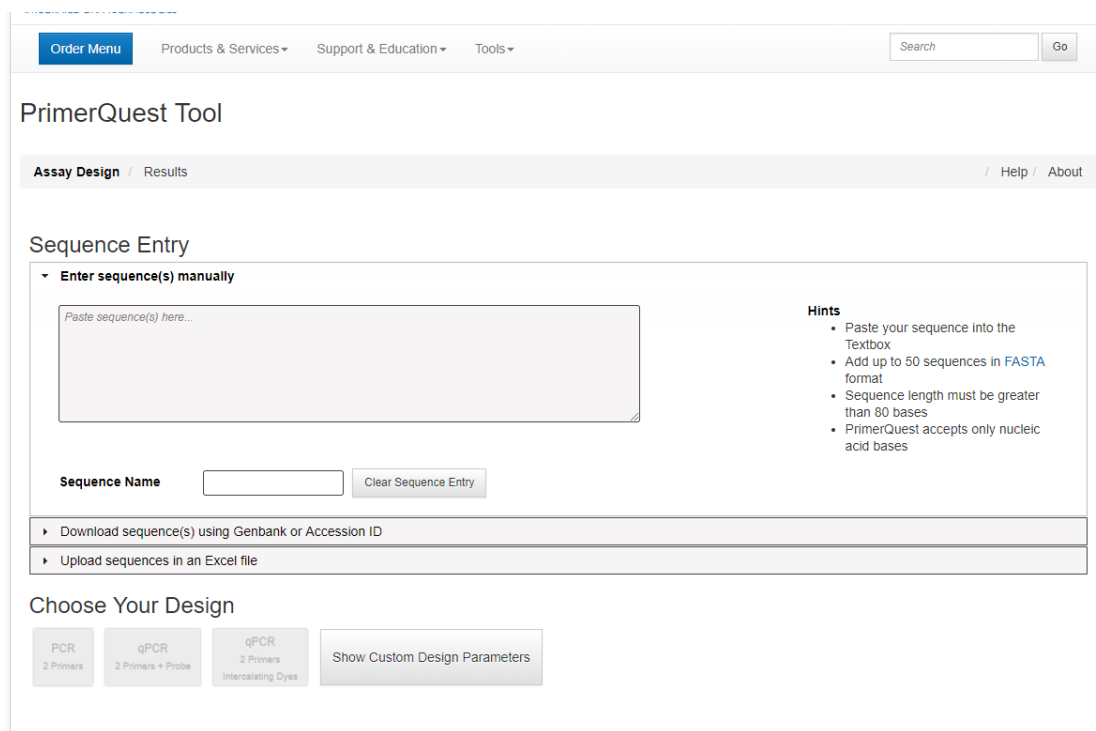
1. IDT - PrimerQuest Tool :

אתר של חברת סינזטה המספק שירותים שונים הקשורים ל-DNA. האתר מציע ממשק לבניית פריימר לפי קבלת רצף או שם של גן ובניית פריימר בהתאם לטווחי האילוצים שקובע המשתמש בצורה ידנית. האתר מציע מספר של פריימרים (אפשר לקבוע את הכמות) ומציג פרטים לגבי הפריימרים: הפריימר עצמו (FORWARD, REVERSE), אורך הפריימר, נקודת התחלה וסיום, אחוז קשרי TM₁, GC.

קישור : <https://eu.idtdna.com/Primerquest/Home/Index>

מסקנות: האתר מציע כביכול את השירות אותו אנו רוצים לתת, אך דורש מהמשתמש לבצע שינויים באילוצים בצורה ידנית ובכך יכול להיווצר מצב שלא ימצא פריימר מהסיבה שהוא אינו נמצא בטווחים שהכניס המשתמש למרות שקיים פריימר מתאים. בנוסף, אין התייחסות למוטציות הידועות של הגן, יכול להיות שנקבל פריימר שמכיל מוטציה ולכן לא יתאים לכלל האוכלוסייה.

השראה : ממשק משתמש נוח בעיקר בהצגת התוצאות, קבלת תוצאות מהירה (שניות).



מסך חיפוש הגן לפי שם או רצף

Custom Design Parameters

Task Settings

Results

Results to Return (1-50)

Vary Forward Primer Location ☐ Off ☐ Low ☒ Med ☐ High

Vary Reverse Primer Location ☐ Off ☐ Low ☒ Med ☐ High

Reaction Conditions

Monovalent Salt (Na⁺) (mM)

Primer DNA Conc (nM)

Divalent Salt (Mg²⁺) (mM)

dNTP Conc (mM)

Primer Criteria

Primer Details

	Min	Opt	Max			
Primer Tm (°C)	59	62	65	45		75
Primer GC (%)	35	50	65	20		80
Primer Size (nt)	17	22	30	12		45

Misc Settings

3' GC Clamp (nt)

Amplicon Criteria

Amplicon Details

	Min	Opt	Max
Amplicon Size (bp)	200	<input type="text"/>	1000

Set Design Parameters for...

- ☒ General PCR (Primers Only)
- ☐ qPCR (2 Primers + Probe)
- ☐ qPCR Interacting Dyes (Primers only)
- ☐ Forward Only - Sequencing
- ☐ Reverse Only - Sequencing

מסך שינוי הפרמטרים לאילוצים

ACC# NM_001111 Assay Set 1 Details

[Back to Results](#)

Parameter Set: General PCR (Primers only)

Sequence Name: ACC# NM_001111

Amplicon Length: 316

	Start	Stop	Length	Tm	GC%
Forward GGGCAGGAACCTGTCATAAA (Sense)	1476	1496	20	62	50
Reverse GACTAGCGAATGGGCATATT (AntiSense)	1771	1792	21	62	47.6

Base	Sequence
1	GCCCCCTCTCTTGGCCAAACTTTCCGGAGGGGAAGGCTTTCCGAGGAAACGAAAGCGAAATTGAACCGGAGCCATCTTGGGCCCGGGCGGCAGACCCGGC
101	GAGTTTCCCGTGGCGACGCCCGGGGGCCACTTCCAGTGGGAGTAGCGGAGGCGTGGGGGCTCGAGGGGCTGGCGGGCCAGCGGTGGGGCCAGGGTC
201	GTGCCCGCCGCGGGTCCGGCCCGGGCAATSCCTCCGCGGGCGCAATGAATCCGGCGCAGGGGTATTCCTCCAGCGGATACACCCATCCATTCCAGGCT
301	ATGAGCAGCAGACAGCTCAGGTAC CAGCAGGCTGGGCCAGGATCTTCCCCAGTAGTTTCCCTGCTTAAGCAAAATAGAAATTTCTCAAGGGGCGAGCTCCAGA
401	AGCACCGGTGATTGGAAAGCAGACACCGTCACTGCCACCTTCCCTCCAGGAGCTCCGGCCAAAGGTTCCAGTACTACTTCCCTCCAGTAC CAGAGCAGG
501	CAAGTGGACATCAGGGGTGTCCCCAGGGGCGTGCATCTCGGAAAGTCAGGGGCTCCAGAGAGGGTTCCAGCATCCTTCAACCACGTGGCAGGAGTCTGCCAC
601	AGAGAGGTGTGATTGCCCTTCCCTCACATTTCCAGGAACTGAGTATCTACCAAGATCAGGAACAAAGGATCTAAAGTTCTCTGGAAAGAGCTTGGGGAAAG
701	GAAAGCCACCCAGCAGCATGATCTGTCTGGGAAACTTGGGACTCCGAAAGAAAGAAATCAATCGAGTTTATACTCCCTGGCAAAGAGGGCAAGCTACAG
801	AAAGAGGCGAGAAACCCCTTTTGTGGAAATCGCGGTCTCCACTCAGGCTTGGAAAC CAGCAGCAGCGAGTGGTAAGACCAGACCGTCAATAGCCAAAGGAG
901	CCCCAACTCAGAACCGAGTTTGGAAACC GGAAGACAGAAATCCACATCTGTCTCAGAAAGATCTTCTTGAGCCTTTTATTGCAGTCTCAGCTCAGGCTTG
1001	GAAACAGCAGCAGCGGAGTGGTAAAC CAGCAGCATATGACCAAGGATCCCAAACCTCAGACCCAGGTTTGGAACTGAAAGACAGCACTCCACATCTGCC
1101	TTGGAAGATCTCTTGGTTTGAATTTAGACATGGGCCAGATCAAGGAGAAATCTGCGACTATCTTTCAATGTGTCTGACTCTCTGCCCTGAAATTTGGCTA
1201	AAATATTGGCTTACCAAGGCCCGAGATATAATGCTGTGCTAATTGACATGGAAAGGCGAGGGGATGCTATAGACAAAGGACAAACCCCTCCCATATG
1301	GCAATTGACAGACAAAGGCGAGAGAGGATGCAAAATCAAGAGAAATACGAACAGTGTCTCTGAAACCGGCTCCAGCTGCAATCCCTGAGACCAAAAGAAAC
1401	GCAGAGTTTCTCACTGTAAATATACCCACATCAAAATGCTCAAAATACATGGTAAAC CAGAAAGAGTGGAGAAATGGGCAGGAACCTGTCATAAA GTTAG
1501	AAAGAGGCGAGAGGCCAGGAC CAGAAC CAGCAGCTGAAAGACCTGTTCATCAATGGCCCTCAAAAGCAGGGTATGTGACTTTGAAATGGCCA
1601	GTGGGCCACAGATGACATCCAGATGACTTGAATAGTATCCGCGCAGCAGCAGGTGAGTTTCGAGCCATCATGGAGATGCCCTCCTCTCTACAGTCTGGC
1701	TTGCCCGGTTGTACCCCTCAAGAAATGACAGAGTGCAGGCTGAAGAAACCCATCAGCGGGCTGTAGAAATATGCGCCAGTTCAGCTGCAATCCCTGAGACCAAAAGAAAC
1801	AGTTTCAACATGATAGAGCAGAGTGGACCACCCCATGAACCTCGATTAAATTTCCAGGTTGTCTCATCAATGGCCGAGAGTTTCCGCCAGCTGAAGCTGGAAG
1901	CAAGAAAGTGGCCAAAGCAGGATGACGCTATGAAGCCATGACAAATCTCTGTAGAGGAGCAGAAAGCCAGGAGCAGTGGAAATCAGAAAGATCATCCAC
2001	TATTCACAGAGAAAGATCAGAGAGCTGCAAGTCCAGACCCGCCACCCCTTCAGCCACATCTCTTTCTTGGGAAAGGCGCCCTCAC CACATGCG
2101	TTGAGTGTATGCACAAATGGGGAACTCTCGGAATTCGCTCTCTGTCCAAAGAAAGGCCCTGCCATGAAACCAAGTTCCAAATCTGTGTTGCACTGGG
2201	AGCCCCAACTTTCCAGTGTGAGTGCTCCAGCAGAAAGATGGCAAGCAGATGCGCGCAGAGGAAAGCCATGAAGGCCCTGATGGGGAGGCGACCAAC
2301	TCCATGGCTTCTGATAACCGCTGAAAGGTATGATCTCAGAGTCACTTGATACTTGGAAATCCATGATGCCCAACAAAGGT CAGGAAGATTGGCGAGCTCG

מסך תצוגת הפריימר שנמצא

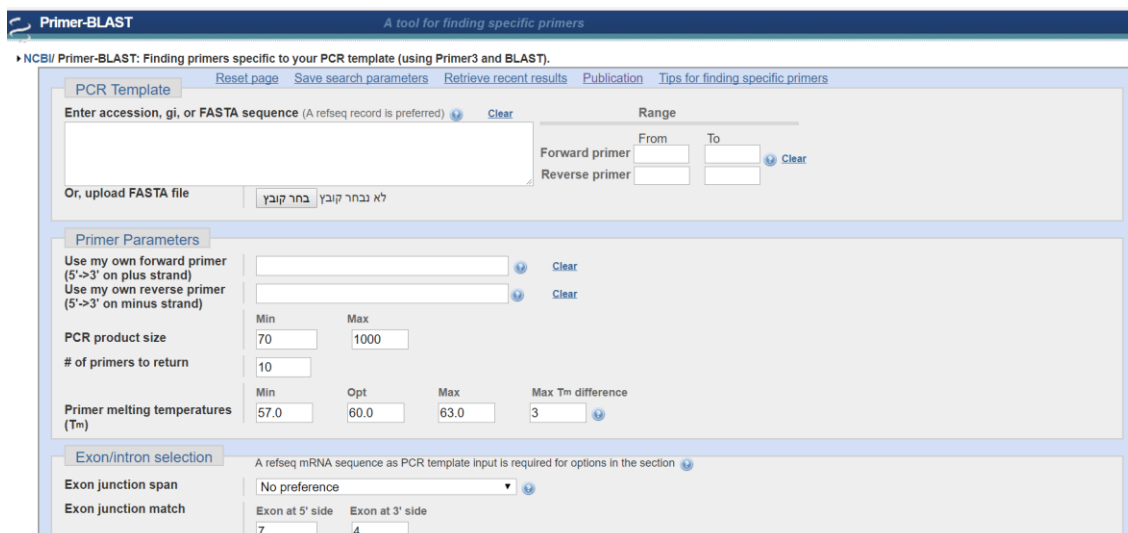
2. NCBI PRIMER-BLAST

אתר NCBI – National Center for Biotechnology Information הוא אתר הקשור למכונים הלאומיים לבריאות של ארה"ב, הוא מספק מידע הכולל מאמרים בנושאים מחקריים ביופואיים, ומחזיק מאגרי מידע נוספים הרלוונטיים למחקר בנושא הביוטכנולוגיה, וביניהם מידע על DNA.

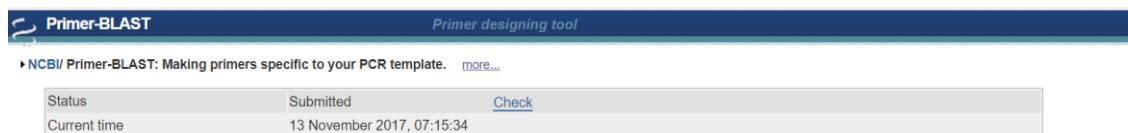
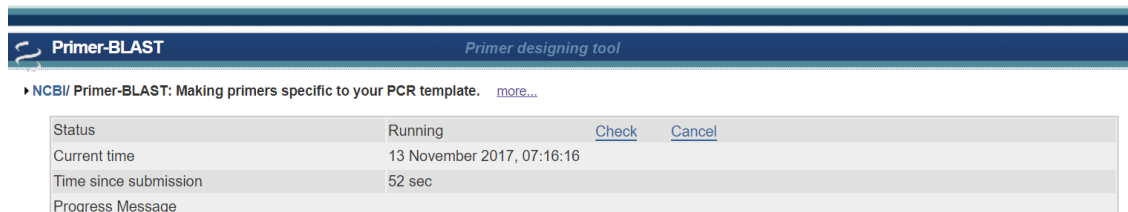
באתר קיים כלי שנקרא PRIMER BLAST – בכלי זה ניתן לבנות פריימר ע"י הכנסת gene sequence והכנסת הפרמטרים הרצויים הקשורים לאילוצים כמו טמפ', אורך, אחוז קשרי ה GC, האם הפריימר חייב להיות מורכב מחיבורים של exon-ים או לא וכו'. לבסוף האתר מציג את הפריימר.

קישור: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast>

השראה: באתר הזה ראינו שלאחר שהרצנו את החיפוש הרצוי, הופיע מסך שהציג את הזמן בו התחלנו את החיפוש והציג את סטטוס הפנייה ואיפה עומד התהליך.



מסך חיפוש הפריימר לפי שם או רצף ושינוי הפרמטרים

מסך עדכון תהליך יצירת הפריימר

Primer pair 1

	Sequence (5'→3')	Template strand	Length	Start	Stop	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	TCCGAGGAAACGAAAGCGAA	Plus	20	40	59	59.97	50.00	4.00	0.00
Reverse primer	GGAGCTGCCCTTGAGAAAT	Minus	20	396	377	60.03	55.00	5.00	2.00
Product length	357								

Products on intended target

>NM_001111.4 Homo sapiens adenosine deaminase, RNA specific (ADAR), transcript variant 1, mRNA

```
product length = 357
Forward primer 1 TCCGAGGAAACGAAAGCGAA 20
Template 40 ..... 59
Reverse primer 1 GGAGCTGCCCTTGAGAAAT 20
Template 396 ..... 377
```

Products on potentially unintended templates

>NM_015841.3 Homo sapiens adenosine deaminase, RNA specific (ADAR), transcript variant 3, mRNA

```
product length = 357
Forward primer 1 TCCGAGGAAACGAAAGCGAA 20
Template 40 ..... 59
Reverse primer 1 GGAGCTGCCCTTGAGAAAT 20
Template 396 ..... 377
```

>NM_015840.3 Homo sapiens adenosine deaminase, RNA specific (ADAR), transcript variant 2, mRNA

```
product length = 357
Forward primer 1 TCCGAGGAAACGAAAGCGAA 20
Template 40 ..... 59
Reverse primer 1 GGAGCTGCCCTTGAGAAAT 20
Template 396 ..... 377
```

>XM_006711111.3 PREDICTED: Homo sapiens adenosine deaminase, RNA-specific (ADAR), transcript variant X5, mRNA

```
product length = 357
Forward primer 1 TCCGAGGAAACGAAAGCGAA 20
Template 104 ..... 123
Reverse primer 1 GGAGCTGCCCTTGAGAAAT 20
Template 460 ..... 441
```

ישנן עוד מספר אפליקציות רשת העובדות בצורה זוה :

- http://biotools.umassmed.edu/bioapps/primer3_www.cgi
- <http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>
- <http://bisearch.enzim.hu/?m=search>

כולם עובדים בצורה זוה של הכנסת רצף/שם הגן , וקביעת פרמטרים.
אף אחד מהכלים לא מציע מציאת פריימר ללא התערבות בפרמטרים ובהתחשבות במוטציות.

נספחים

ספרות, תרשימים נוספים, תכנון הפרויקט, טבלת ניהול סיכונים, טבלת דרישות (URD),

רשימת ספרות \ ביבליוגרפיה

תכנון הפרויקט

פגישה ראשונה עם דר' חסין לקבלת הפרוייקט	24.10.
הגשת טופס הצעה לאחר אישור המנחה	19.11
סיום מחקר ספרותי	1.12
קוד ראשוני לאלגוריתם, תחילת בדיקות הרצה	20.12
התחלת בניית ממשק משתמש	1.1
הצגת אב טיפוס (אלגוריתם חלקי)	21.1
סיום כתיבת האלגוריתם, תחילת בדיקות	1.3
סיום בדיקות עצמאיות, הפצת גרסת בטא	1.4
קבלת משובים	1.5
סיום תיקונים	20.5
הגשת הפרוייקט	22.6

טבלת סיכונים

#	הסיכון	חומרה	סבירות	מענה אפשרי
1	תוכנות מתחרות – תוכנות המציעות את אותו השירות בדיוק.	1	2	ביצוע סקר שוק מקיף לשלילת מוצרים זרים
2	חוסר ידע בתחום הביולוגי – לפרוייקט הקשרים לתחום הביולוגיה ואנו חסרי ידע מקדים בנושא	1	3	נתמקד בהיבטים התוכניים ולא הביולוגים של הבעיה ופתרונה. למשל הסתכלות על DNA כסטרינג.
3	עבודה עם מסדי נתונים קיימים – עלולות להיות קריסות במסד נתונים שלא תלוי בנו	3	1	ננסה להסתמך על יותר ממקור אחד.
4	ביצועים - לתוכנה יקח זמן רב מידי להפיק את המידע הרצוי	3	2	ננסה לכתוב את האלגוריתם בדיוק היעיל ביותר. כמו כן נאמר לנו שהאלגוריתם אמור לרוץ בטווח של שעות עד ימים – טווח ארוך מספיק.
5	אילוצים רבים מידי – לא נצליח למצוא פריימר התואם לכל האילוצים	2	1	נפנה לחוקר לצורך חידודים באילוצים, כמו כן נוודה שהאלגוריתם מוצא פריימר על גן שידוע שקיים פריימר עבורו
6	עמידה בזמנים – לא נספיק לבנות את התוכנה במועד	2	2	תכנן זמנים יעיל. קביעת ימי עבודה קבועים.
7	מכושלים תכנותיים – חוסר הצלחה בכתיבת האלגוריתם	2	2	ניעזר בגורמים חיצוניים במידת הצורך.
8				

טבלת דרישות

טבלת דרישות (User Requirement Document)

דרישה	תיאור
נכונות	הפריימרים שיתקבלו מהתוכנה יהיו נכונים ואמינים בהתאם לאילוצים
מערכת אוטומטית	מציאת הפריימר תהיה אוטומטית ללא התערבות אדם בפרמטרים
זמנים	התוצאה תתקבל בזמן סביר (כרגע לפי הערכה מס' שעות)
גלובלי	המערכת תהיה זמינה לציבור הרחב (אתר אינטרנט ציבורי)
מס משתמשים	האתר יתמוך במספר בלתי מוגבל של בקשות אך ייתכן שמספר רב של בקשות ירום לעיכובים בתוצאות
קלות שימוש	הממשק יהיה פשוט למשתמש מהתחום, יציג את הנתונים בצורה הברורה ביותר