

Библиотека для поиска генетических заболеваний:  
Итоги работы

## Часть I

# Итоги работы

## 1 Реализованные функции

### 1.1 Чтение из файла:

- Рекурсивное чтение всех FASTA файлов из директории

### 1.2 Запись в файл:

- Создание файла с информацией о последовательности (ID, путь к файлу в котором она хранится, результат поиска болезни)

### 1.3 Скачивание данных:

- Скачивание одним файлом всех последовательностей, найденных по поисковому запросу на NCBI

### 1.4 Поиск болезней:

- Реализован поиск болезни Гентнигтона

## 2 Структура:

### 2.1 Пакет *fileService*:

- FileReader.java осуществляет чтение данных из файлов и директорий
- FileDownloader.java скачивает данные с сайта NCBI
- FileSaver.java сохраняет собранную статистику в файл

### 2.2 Пакет *diseases*:

- Huntington.java поиск изменений гена, характерных для болезни Гентингтона

## 3 Перспективы:

- Добавление классов для поиска других заболеваний
- Добавление удобного пользовательского интерфейса
- Обработка последовательностей, хранящихся в других базах данных