

Pflichtenheft Proteomvergleich zweier Bakterien

1. Zielbestimmung

- Die Bioinformatik-Studenten Gero Canzler, David Hruska, Kevin Janssens und Sebastian Reimer sollen ein Programm entwickeln mit dem es möglich ist, zwei Proteome unterschiedlicher Spezies zu vergleichen.

1.1. Musskriterien

- Implementierung in Perl
- Einlesen zweier Proteome A und B im Fasta-Format
- Identifizierung der Anzahl des pairwise best hit: Anzahl der Proteine, die sowohl in Proteom A als auch in Proteom B vorkommt
- Identifizierung der Anzahl der Proteine die nur in Proteom A bzw. Proteom B vorkommen
- Ausgabe des Ergebnisses als Venn-Diagramm

1.2. Wunschkriterien

- Kommandozeilenbasierte Ausgabe der Ergebnisse
- Web-basierte Applikation

2. Produkteinsatz

- Das Produkt dient zum Teil als Grundlage für die Identifizierung von Verwandtschaftsverhältnissen von Bakterien

2.1. Anwendungsbereiche

- Einsatz in Forschung und Lehre der Bioinformatik; ggf. auch Einsatz in Industrie

2.2. Zielgruppen

- Bioinformatiker
- Studenten der Bioinformatik

2.3. Betriebsbedingung

- Büroumgebung

3. Produktumgebung

- Das Produkt läuft auf einem Arbeitsplatzrechner bzw. Laborrechner

3.1. Software

- Betriebssystem: Linux Ubuntu

3.2. Hardware

- PC mit mind. Pentium 3, 256 MB RAM, 1024 MB freier Festplattenspeicher