

Dokumentaatio

Aihe: Graafinen ohjelma, joka käsittelee biologisia sekvenssejä (proteiini-/nukleotidisekvenssi) kansainvälisistä tietokannoista/koneelta/syötteestä ja suorittaa niille käsittelytoimienpiteitä, jotka käyttäjä valitsee.

- Ohjelmassa on kaksi tekstikenttää. Input, johon voidaan syöttää suoraan tai johon voidaan hakea koneelta.
- Kaikki toiminnot suoritetaan painamalla nappia, jolloin input kentälle suoritetaan käsittelytoimienpiteitä ja tulos näytetään outputkentässä.
- Output-kentän tietoja voidaan siirtää käytettäväksi inputtina.
- Output-kentän tiedot voidaan tallentaa uuteen tiedostoon koneelle.
- Kummatkin kentät voidaan tyhjentää "Clear" -napilla.
- Ohjelma sulkeutuu "Exit"-napista.
- Toiminnot on jaoteltu DNA:lle ja proteiineille tehtäviin toimintoihin.
 - DNA:
 - Count Nucleotides: Laskee nukleotidit (ATCG) ja GC%.
 - Reverse Compliment: Tekee komplementaarisen sekvenssin ja kääntää sen.
 - Make Codons: Tekee välilyönnin joka kolmannen nukleotidin jälkeen.
 - "DNA -> Protein": Kääntää DNA-sekvenssiä proteiinisekvenssiksi.
 - "DNA -> RNA": Kääntää DNA-sekvenssiä RNAksi. (T → U)
 - "Find RESite": Löytää sekvenssistä RE-entsyymin leikkauskohdan.
 - Proteiini:
 - "Count Amino Acids": Laskee kuinka monta mitäkin aminohappoa on sekvenssissä ja listaa niiden koko nimet.