

Bioinformatyka

Marek Trzeciak, Marta Szaszkowska, Aleksandra Włoch, Małgorzata Dziewior,
Jakub Irla

Spis treści

Plan działania.....	3
Technologie	5
Design	6
Działanie aplikacji	8

Plan działania

Zdecydowaliśmy, aby naszym konkursowym zadaniem było zadanie związane z bioinformatyką. Dużą część czasu poświęciliśmy analizie zagadnień związanych z genetyką, żeby zrozumieć co mamy zrobić. Po tym etapie wspólnie stworzyliśmy plan działania i podzieliliśmy się zadaniami, proces ten zapisywaliśmy w programie Trello.

Etap 1 - Odczyt kodu genetycznego

do zrobienia

+ Dodaj kartę

w trakcie

ostylowanie etapu1

1/3

AW MT

+ Dodaj kartę

zrobione

odczytywanie kodu dna/rna

15 sty 2/2

M

określenie aminokwasów

Jl

znalezienie wszystkich potencjalnych białek

G

+ Dodaj kartę

Bioinformatyka

Tablice

Widoki

Członkowie (5)

Ustawienia

Ulepsz

do zrobienia

Etap 1 - Odczyt kodu genetycznego

Etap 2 - Wizualizacja kandydatów na białka

Utwórz nową tablicę
Pozostało 6

do zrobienia

do zrobienia

etap2

AW Jl M MT G

etap3

AW Jl M MT G

+ Dodaj kartę

w trakcie

dokumentacja

0/2

MT

etap1

AW Jl M MT G

+ Dodaj kartę

zrobione

ogólny zarys projektu

2/2

Jl M G

wygląd wizualny w figmie

AW

+ Dodaj kartę

Technologie

Długo zastanawialiśmy się nad językiem w którym napisać naszą aplikację, ostatecznie postawiliśmy na c++.

Użyliśmy także bibliotek:

- ImGui – która umożliwiła nam renderowanie graficznej części aplikacji
- ImGuiFileDialog

```
#include "imgui/imgui.h"
#include <iostream>
#include "ImGuiFileDialog-0.6.4/ImGuiFileDialog.h"
```

Wbudowane biblioteki takie jak:

- iostream
- vector
- fstream
- cmath
- string

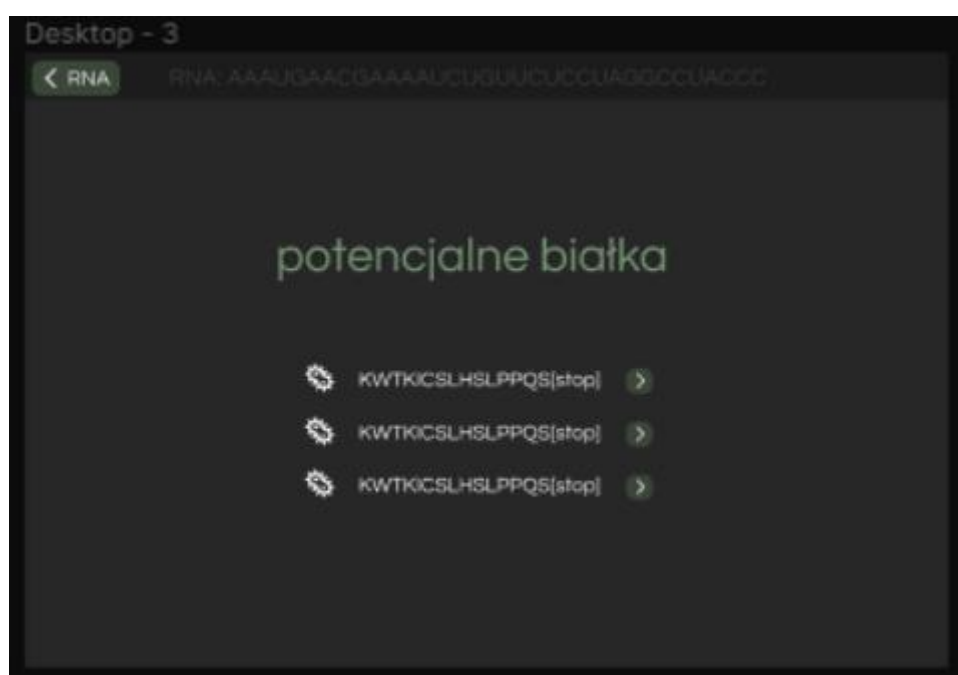
```
#include "pch.h"
#include <iostream>
#include <fstream>
#include <vector>
#include <string>
#include <cmath>
```

Design

Jednym z pierwszych etapów tworzenia naszej aplikacji było przygotowanie design'u w programie Figma. Początkowo stworzyliśmy 2 motywy – jasny i ciemny.



Po długiej dyskusji wspólnie podjęliśmy decyzję, aby nasza aplikacja była stworzona w ciemnym motywie.





KWTKICSLHSLPPQS[stop]

masa cząsteczki: 21.37

wzory strukturalne



LEGENDA WZORU
STRUKTURALNEGO

- jakis aminokwas
- jakis aminokwas
- jakis aminokwas
- jakis aminokwas

WYKRESY



Działanie aplikacji

Po utworzeniu designu, postanowiliśmy wspólnie określić specyfikację wymagań, która ostatecznie zawierała:

- Wczytywanie DNA/RNA z pliku
- Wpisywanie DNA/RNA
- Przekształcanie sekwencji DNA na RNA
- Utworzenie potencjalnych białek
- Obliczenie masy cząsteczkowej
- Wyznaczenie właściwości fizycznych białek

W celu lepszej wizualizacji działania programu utworzyliśmy:

Diagram aktywności:

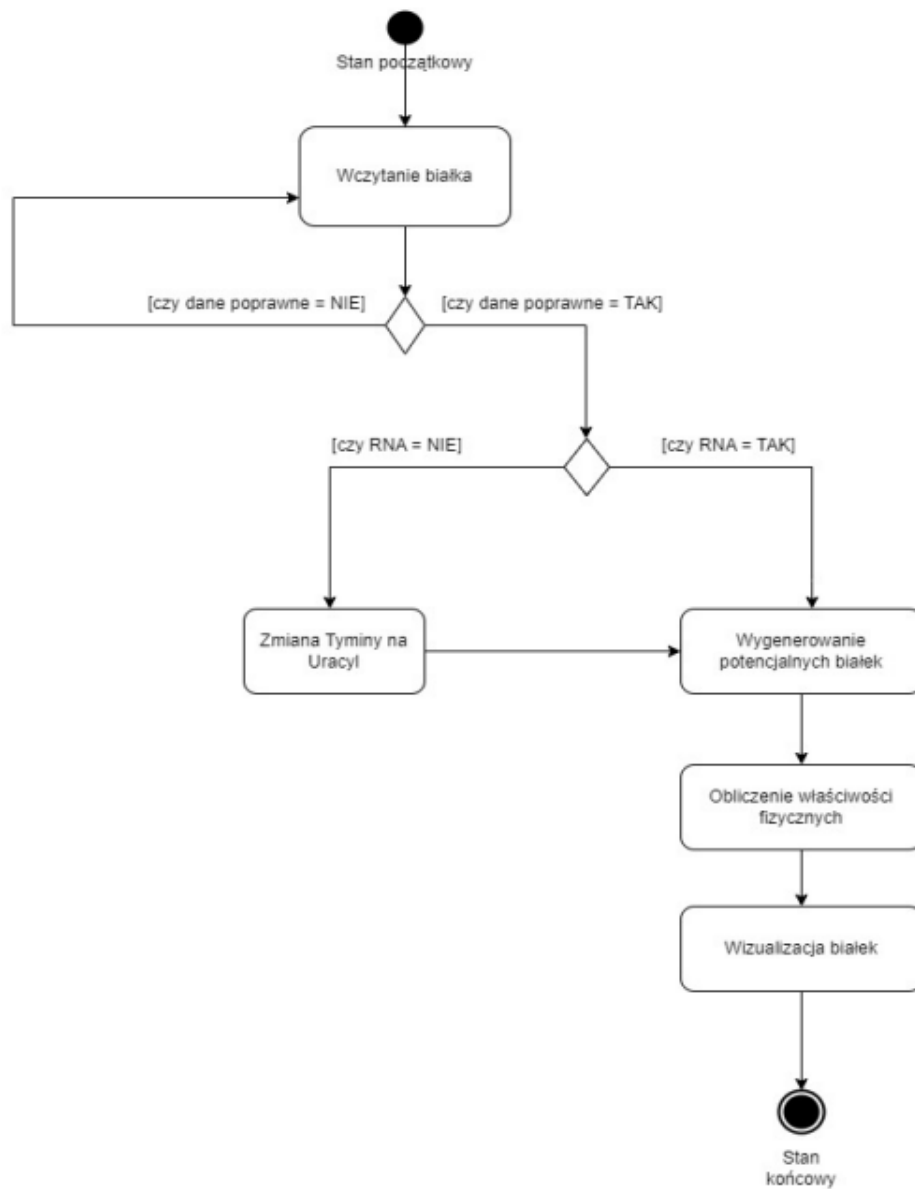


Diagram przypadków użycia:

