| **Terme** | **Définition / Description** |
| --- | --- |
| **ADN** | Molécule porteuse de l'information génétique sous forme de séquences nucléotidiques (A, T, C, G). |
| **ARNm** | ARN messager synthétisé par transcription de l’ADN, qui sert de matrice pour la traduction en protéine. |
| **Promoteur** | Séquence spécifique de l’ADN nécessaire pour initier la transcription ; point de départ de la synthèse d’ARNm. |
| **Terminaison** | Signal indiquant la fin de la transcription ; marque la fin de l’ARNm. |
| **Codon** | Groupe de 3 nucléotides de l’ARNm (ou de l’ADN) codant pour un acide aminé spécifique. |
| **Segment 3-mer** | Portion de l’ADN composée de 3 bases correspondant à un codon ; utilisé dans la construction du sous-graphe codon. |
| **Code\_Correcteur** | Module ou noeud dédié à la correction des erreurs (mutations) dans le processus de transcription et traduction. |
| **Transcription** | Processus de conversion de l’ADN en ARNm, démarrant après le promoteur et se terminant au signal de terminaison. |
| **Traduction** | Processus de conversion de l’ARNm en protéine, qui se fait codon par codon, en commençant par le codon START (ATG) et s’arrêtant au codon stop. |
| **Dégénérescence** | Phénomène par lequel plusieurs codons peuvent coder pour le même acide aminé, conférant une redondance au code génétique. |
| **Purines** | Catégorie de bases azotées (Adénine et Guanine) caractérisée par une double structure en anneaux. |
| **Pyrimidines** | Catégorie de bases azotées (Cytosine, Thymine et Uracile) caractérisée par une structure à anneau unique. |
| **Motif** | Séquence ou structure spécifique d’ADN ayant une fonction particulière (exemple : promoteur, exon, intron, site de liaison). |
| **Processus** | Ensemble d’activités biologiques, telles que la méthylation, la réparation de l’ADN ou la régulation de l’expression génique. |
| **Enhancer** | Élément cis-régulateur qui augmente l’activité transcriptionnelle d’un gène en facilitant la liaison des facteurs de transcription. |
| **Silencer** | Élément cis-régulateur qui diminue ou réprime l’expression d’un gène en inhibant la liaison des facteurs de transcription. |
| **Dijkstra** | Algorithme de recherche de chemin le plus court dans un graphe pondéré, utilisé ici pour optimiser le parcours entre les noeuds obligatoires. |
| **Bellman-Ford** | Algorithme permettant de calculer des chemins optimaux dans un graphe, même en présence d’arêtes avec des poids négatifs, utilisé pour le parcours entre noeuds. |
| **A\*** | Algorithme de recherche de chemin optimisé qui utilise une heuristique pour améliorer la vitesse de convergence vers le chemin optimal. |
| **Graphe** | Structure de données utilisée pour représenter le réseau de connaissances, composé de noeuds et d’arêtes, illustrant les interactions entre les différentes composantes de l’ADN. |