
Projet L2D -Introduction à la bioinformatique

Plan de tests

Projet de Programmation

L2D1



Illustration 1: Image de présentation

Projet L2D -Introduction à la bioinformatique

Les informations d'identification du document :

Référence du document :
Version du document : 2
Date du document : 01/05/2021
Auteurs : Mehdi Hamiche Manal Boutajar Adelin Bodnar

Les éléments de vérification du document :

Validé par :
Validé le :
Soumis le :
Type de diffusion :
Confidentialité :

Les éléments d'authentification :

Maître d'ouvrage :	Chef de projet :
Date / Signature :	Date / Signature :

Projet L2D -Introduction à la bioinformatique

Sommaire

<u>1. Introduction</u>	6
1.1. Objectifs et méthodes	6
1.2. Documents de référence	6
<u>2. Guide de lecture</u>	8
2.1. Maîtrise d'œuvre	8
<i>2.1.1. Responsable</i>	8
<i>2.1.2. Personnel administratif</i>	8
<i>2.1.3. Personnel technique</i>	8
2.2. Maîtrise d'ouvrage	8
<i>2.2.1. Responsable</i>	9
<i>2.2.2. Personnel administratif</i>	9
<i>2.2.3. Personnel technique</i>	9
<u>3. Concepts de base</u>	10
<u>4. Tests fonctionnels</u>	12
4.1. Scénario 1 :	12
<i>4.1.1. Identification</i>	12

Projet L2D -Introduction à la bioinformatique

4.1.2. Description	12
4.1.3. Contraintes	12
4.1.4. Dépendances	13
4.1.5. Procédure de test	13
4.2. Scénario 2 :	16
4.2.1. Identification	16
4.2.2. Description	16
4.2.3. Contraintes	16
4.2.4. Dépendances	17
4.2.5. Procédure de test	17
4.2. Scénario 3 :	19
4.3.1. Identification	19
4.3.2. Description	19
4.3.3. Contraintes	20
4.3.4. Dépendances	20
4.3.5. Procédure de test	20
4.4. Scénario 4 :	22

Projet L2D -Introduction à la bioinformatique

<i>4.4.1. Identification</i>	22
<i>4.4.2. Description</i>	22
<i>4.4.3. Contraintes</i>	22
<u>5. Vérification de la documentation</u>	24
<u>6. Annexes</u>	25
<u>7. Glossaire</u>	39
<u>8. Références</u>	41
<u>9. Index</u>	42

1. Introduction

Le plan de test sert à faire plusieurs tests :

- Alignement global ;
- Alignement multiple ;
- Logo

Il permet d'aligner les séquences protéiques / nucléotidiques afin de voir le bon fonctionnement de l'application et des tests pour chaque méthode de notre programme. Le plan de tests permet de garantir que le logiciel respecte le cahier des charges.

1.1. Objectifs et méthodes

L'application est un exécutable .java compressé dans une archive .jar dans lequel il y a un fichier qui contient

- 14 classes java :
 - 4 représentant l'interface graphique connecté entre eux,
 - les 4 classes de l'interface font appel aux autres classes d'alignement global, multiple et de logo pour effectuer les alignements et les calculs ainsi que générer le logo
- 4 fichiers (fasta, aln-fa et texte) (COVID laissé mais non utilisé)

Le programme s'exécute avec classe « **FramePrincipale** » qui génère la 1ere fenêtre de l'application pour choisir l'alignement global, multiple et logo.

1.2. Documents de référence

Les documents du projet servant à l'élaboration du présent document :

- ◆ Le cahier des charges,
- ◆ Le cahier de recettes,
- ◆ La cahier de développement,
- ◆ Fichiers séquences : Insuline, Covid, Cytochrome c, Séquences nucléiques (format fasta, texte),
- ◆ Fichiers java (différents modules)

2. Guide de lecture

2.1. Maîtrise d'œuvre

La maîtrise d'œuvre présente l'équipe du développement chargé du bon suivi du plan de tests et des besoins dont le maître d'ouvrage fait commande.

Elle représente l'équipe du développement :

- Adelin Bodnar
- Manal Boutajar
- Mehdi Hamiche

Cette équipe veillera au bon suivi du plan de tests coordonnées avec le conception générale représentant les besoins des enseignants encadrants.

2.1.1. Responsable

Il est conseillé pour le responsable de la maîtrise d'œuvre de lire le document dans sa totalité afin de prendre conscience de l'ensemble des éléments.

2.1.2. Personnel administratif

Il est conseillé pour le personnel administratif de lire la partie du concept de base ainsi que la vérification de la documentation.

2.1.3. Personnel technique

Il est conseillé pour le personnel technique de prendre en compte la partie sur le concept de base, tests fonctionnels.

2.2. Maîtrise d'ouvrage

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

La maîtrise d'ouvrage représente dans notre cas le client du projet, c'est-à-dire les personnes dont les besoins permettent la conception du projet.

La maîtrise d'ouvrage est assistée par l'équipe de la maîtrise d'œuvre et donc ce rôle sera assuré par les enseignants encadrants Dragutin Jastrebic et Koviljka Lukic Jastrebic.

2.2.1. Responsable

Il est conseillé pour le responsable de la maîtrise d'ouvrage de lire le document dans toute sa totalité afin de prendre conscience de l'ensemble des documents.

2.2.2. Personnel administratif

Il est conseillé pour le personnel administratif de lire la partie du concept de base ainsi que la vérification de la documentation.

2.2.3. Personnel technique

Il est conseillé pour le personnel technique de prendre en compte la partie sur le concept de base, tests fonctionnels.

3. Concepts de base

Pour bien comprendre ce document, lire le manuel d'utilisation et d'installation pour avoir les notions sur les différents modules abordés et quelques définitions pour ne pas être perdu :

• Bio-informatique	➔ Interdiscipline
• Modules	➔ Alignement : <ul style="list-style-type: none">• Global (backtracking),• Multiple (séquences consensus) ➔ Weblogo ➔ Interface graphique
• Needleman-Wunsch	➔ Algorithme
• Fasta	➔ Format
• Programmation orienté objet	➔ Java <ul style="list-style-type: none">• Connaissances;• Compréhension du code (Eclipse : installation Windows);• Exécution :<ul style="list-style-type: none">• classes,• packages,• méthodes,• variables etc...
• Programme	➔ Application alignant les séquences

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

	protéiques et nucléotidiques (archive .zip)
--	---

4. Tests fonctionnels

4.1. Scénario 1 :

4.1.1. Identification

ALIGNEMENT GLOBAL

4.1.2. Description

➤ But du test

- affichage d'un bon alignement global et réussi

➤ Principe de réalisation du test

- Ouvrir Eclipse
 - fichier java application, interface
- Exécuter le programme avec la classe <**FramePrincipale**> pour arriver sur la page d'accueil ou exécuter directement la classe de l'interface de l'alignement global <**FrameAG**>
- Cliquer sur Alignement Global sur la page d'accueil
- Saisir les séquences manuellement ou par leurs ou via fichier fasta.
- Saisir la valeur gap, match et mismatch
- Afficher (aligner)

➤ Caractéristiques de l'environnement de test

- Faire différents tests d'alignements globaux avec différentes valeurs de gap, match et mismatch.

4.1.3. Contraintes

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

- ◆ Saisir deux séquences manuellement, bien choisir la nature des séquences à saisir (**ADN ou PROTEINE**)
- ◆ Valeurs gap, match, mismatch inférieures à la valeur de la similarité.

4.1.4. Dépendances

- Vérifications :

- valeurs de **gap**, **match** et **mismatch** pour bon fonctionnement du programme ;
- bien saisir tous les champs de texte sinon message d'erreur indiquant de remplir tous les champs

4.1.5. Procédure de test

1. Ouvrir le programme et appuyer sur alignement global pour arriver sur la **FrameAG** :

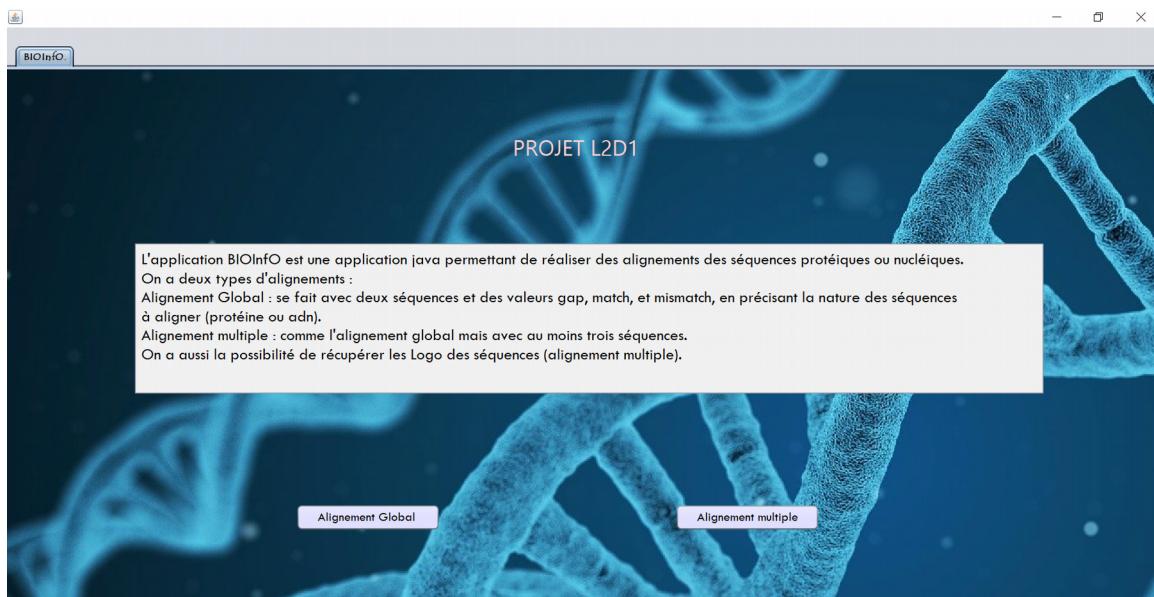


Illustration 2: Page d'accueil du programme

2. Saisir les champs de **gap**, **match** et **mismatch**, les deux champs des deux séquences à aligner, et sans oublier de préciser la nature des séquences :

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

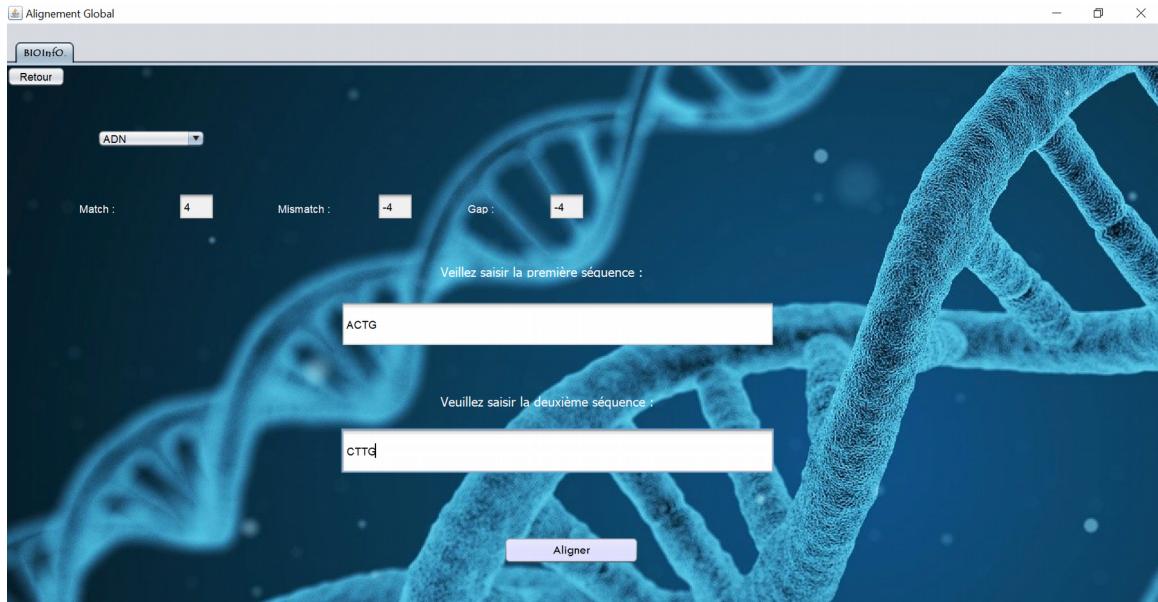


Illustration 3: Exemple d'insertion des valeurs et des deux séquences

3. Appuyer sur “Aligner” pour afficher le résultat de l’alignement :

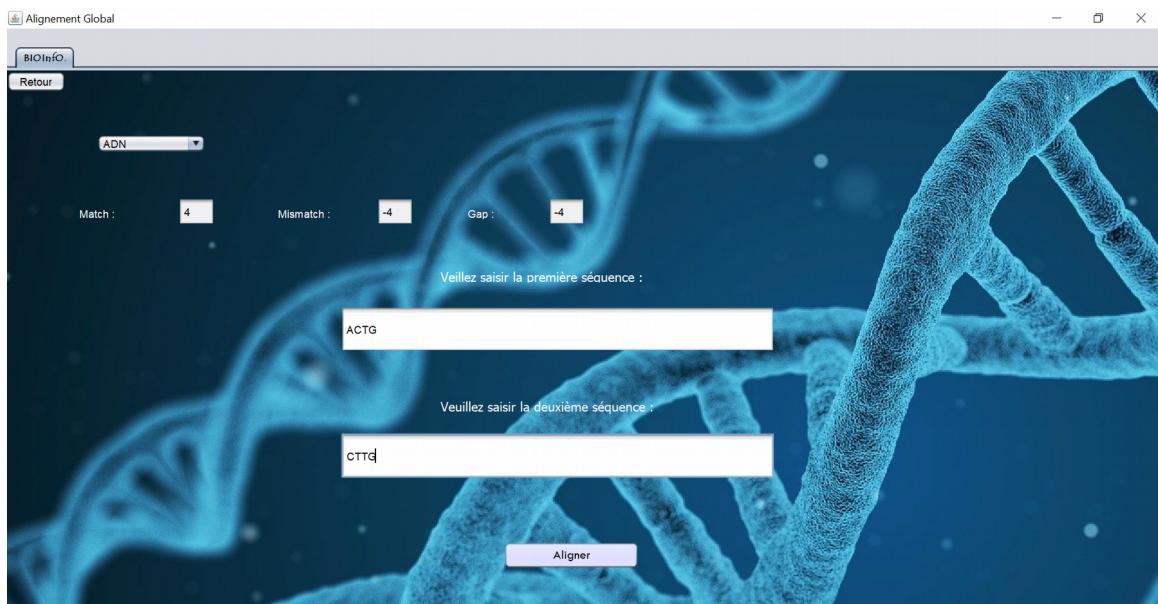


Illustration 4: Exemple d'affichage de deux séquences avant d'appuyer sur le bouton "Aligner"

4. Appuyer sur la croix en haut à droite pour fermer le programme ou appuyer sur le bouton en haut à gauche “Retour” pour retourner à la page initial et faire d’autres tests.

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

5. Exemple d'alignement de séquences de grandes tailles :

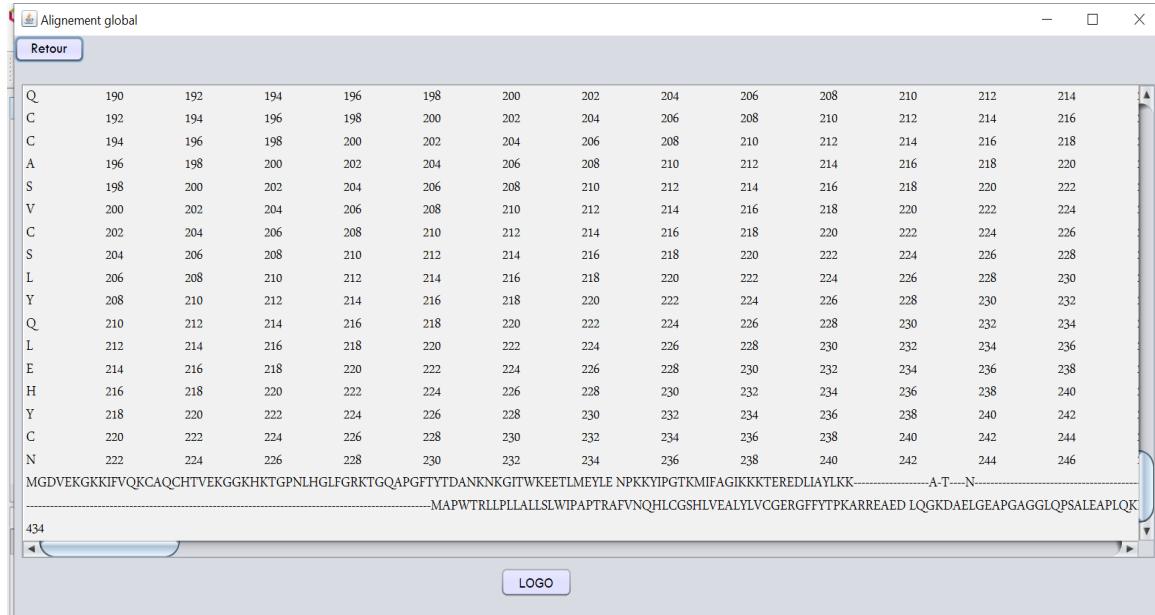


Illustration 5: Exemple d'alignement avec des séquences de plus grandes tailles

6. Exemple messages d'erreur de non saisie des champs :

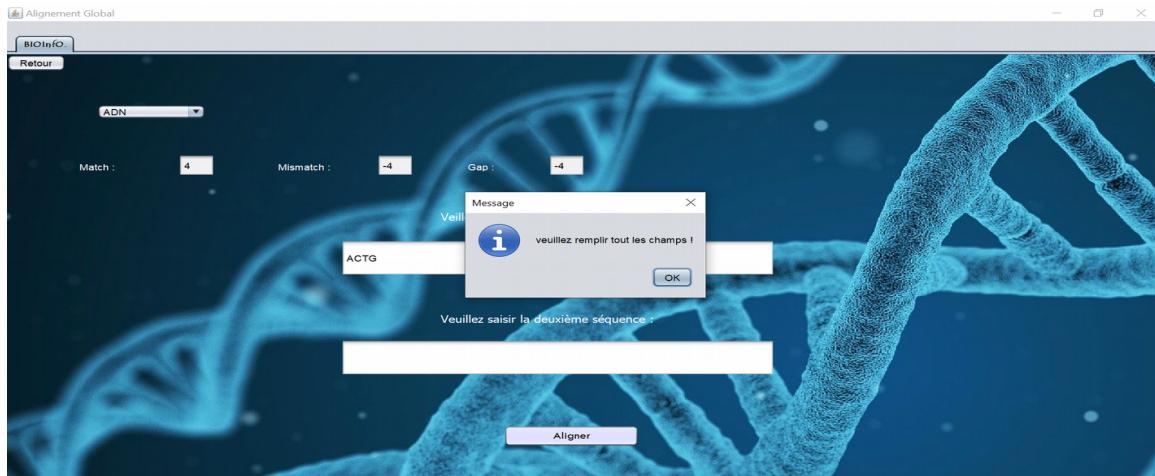


Illustration 6: Exemple de messages d'erreur

4.2. Scénario 2 :

4.2.1. Identification

ALIGNEMENT MULTIPLE

4.2.2. Description

➤ **But du test**

- affichage d'un bon alignement multiple et réussi

➤ **Principe de réalisation du test**

- Ouvrir Eclipse
 - fichier java application, interface
- Exécuter le programme avec la classe <**FramePrincipale**> pour arriver sur la page d'accueil ou exécuter directement la classe de l'interface de l'alignement global <**FrameAM**>
- Cliquer sur « **Alignement Multiple** » sur la page d'accueil
- Saisir les séquences manuellement ou via fichier
- Saisir la valeur gap, match et mismatch
- Afficher (aligner)

➤ **Caractéristiques de l'environnement de test**

- Faire différents tests d'alignements multiples avec différentes valeurs de **gap, match et mismatch**

4.2.3. Contraintes

◆ **Saisir des séquences manuellement**

- séparer en revenant en ligne,
- avoir un fichier .fasta contenant les séquences protéiques ou nucléiques.
 - alignement des séquences du fichier

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

- ◆ Valeurs **gap**, **match**, **mismatch** inférieures à la valeur de la similarité.
- ◆ Bien choisir la nature des séquences à aligner pour avoir le bon résultat

4.2.4. Dépendances

- Vérifications :

- valeurs de **gap**, **match** et **mismatch** négatives et décimales pour bon fonctionnement du programme ;
- documents contenant les séquences :
 - Cytochrome c,
 - Insuline
 - Séquences nucléiques
- saisir de séquences manuellement ou parcourir des fichiers (.fasta)
- choisir la nature des séquences et bien remplir tous les champs de **gap**, **match** et **mismatch** avant d'aligner

4.2.5. Procédure de test

1. Exécuter la classe principale ou directement sur la classe **FrameAM** :

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 7: Page d'accueil pour alignement multiple

- Après avoir arrivé sur l'interface de l'alignement multiple, on remplit les champs nécessaire et puis on saisie manuellement ou via « parcourir » un fichier .fasta comme ci dessous :

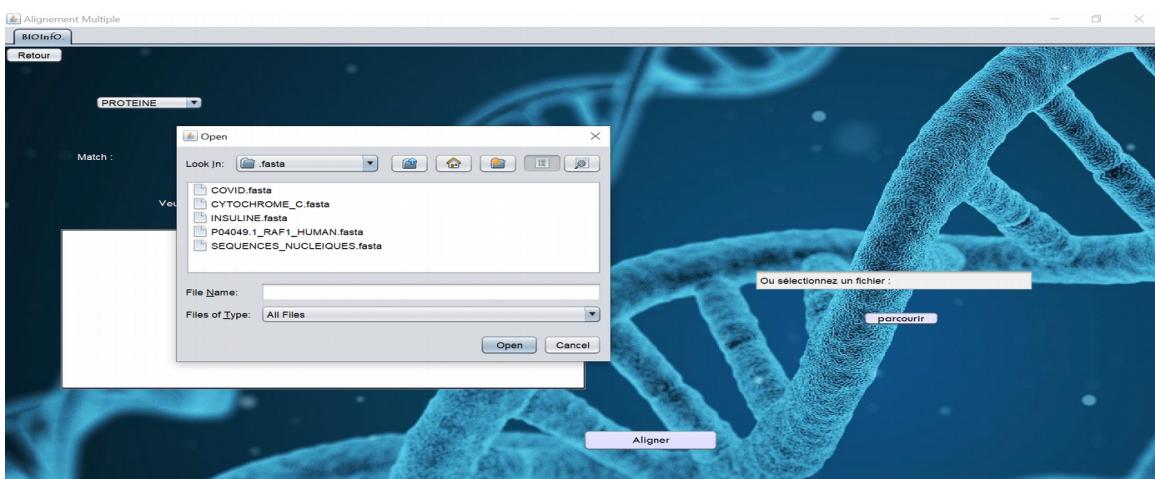


Illustration 8: Exemple pour remplir les champs et saisir un fichier pour l'alignement multiple

- Appuyer sur « Aligner », voici quelques exemples d'alignements multiples de différentes séquences

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

4. Exemple d'alignement des séquences nucléiques :

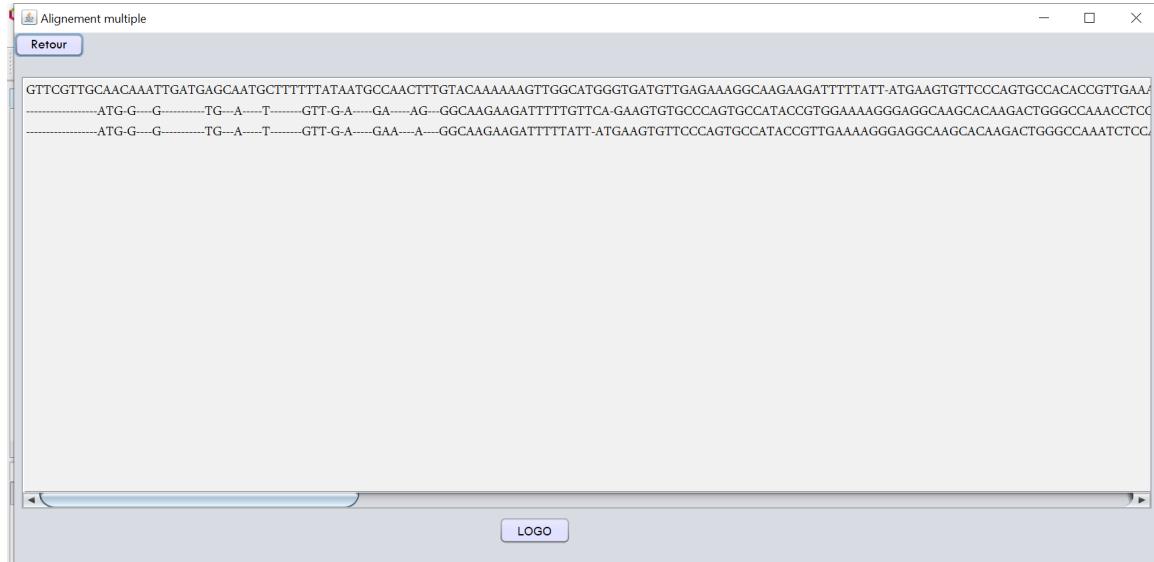


Illustration 9: Exemple d'alignement multiples avec séquences nucléiques

4.2. Scénario 3 :

4.3.1. Identification

LOGO

4.3.2. Description

➤ But du test

- affichage d'un bon logo et réussi

➤ Principe de réalisation du test

- Ouvrir Eclipse
 - fichier java application, interface
- Exécuter le programme avec la classe « **FramePrincipale** »
- Cliquer sur le bouton **LOGO** en dessous de l'alignement multiple
- Afficher Logo des séquences

➤ **Caractéristiques de l'environnement de test**

- Voir si le logo est bon des séquences choisis

4.3.3. Contraintes

- ◆ Avoir des fichiers .aln-fa ou .txt pour effectuer des bon résultats de logo
- ◆ Force de fermeture du programme après chaque résultat de logo obtenue et ré-exécution pour continuer les opérations souhaitées

4.3.4. Dépendances

● Vérifications :

- Valeurs de gap, match et mismatch négatives et décimales pour bon fonctionnement du programme ;
- Documents contenant les séquences :
 - Cytochrome c
 - Séquences nucléiques
 - Insuline

4.3.5. Procédure de test

Exemples de tests obtenus:



Illustration 10: Exemple logo avec Insuline

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

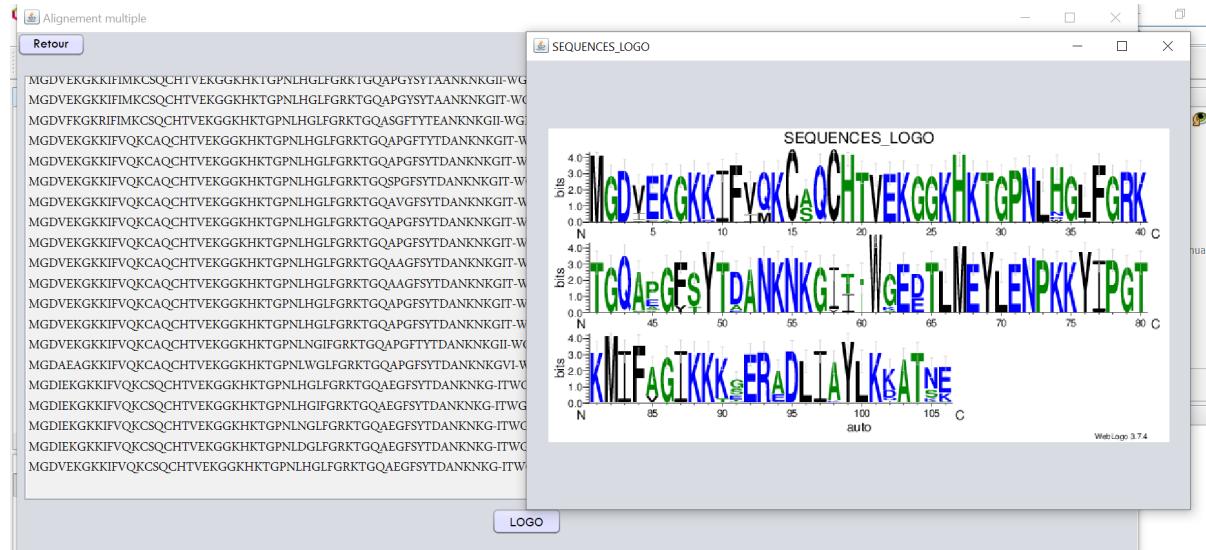


Illustration 12: Exemple logo avec *Cytochrome c*

4.4. Scénario 4 :

4.4.1. Identification

INTERFACE GRAPHIQUE

4.4.2. Description

Le but de l'interface graphique est de regrouper toutes les fonctionnalités et les présenter pour réaliser les opérations souhaitées sur les alignements globaux, les alignements multiples et le logo.

4.4.3. Contraintes

Il faut installer un environnement de développement java IDE comme Eclipse ou Netbeans pour assurer le bon fonctionnement de notre programme et l'exécuter.

La documentation nécessaire à comprendre ce programme sont le manuel d'utilisation, le cahier des charges, la documentation interne en plus de ce document.

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

Les procédures de test de l'interface sont expliquées ci-dessus avec tous les tests fonctionnels et l'intégration des autres classes d'alignements et de logo.

5. Vérification de la documentation

- Récupération du projet ;
- Décompression de l'archive du projet :
 - Winrar, 7zip
- Avoir d'installer Eclipse permettant de lire ce projet :
 - Mise en place des fichiers sur Eclipse,
 - Installations des librairies,
 - Exécution du programme,
 - Réalisation des tests

6. Annexes

- Documentation java ;
- Logiciel MAFFT - EMBOSS - MULTALIN
 - tester les alignements

Voici différents tests de notre application pour commencer avec les valeurs suivantes :

match (3) / mismatch (-2) / gap (-1)

Alignement global

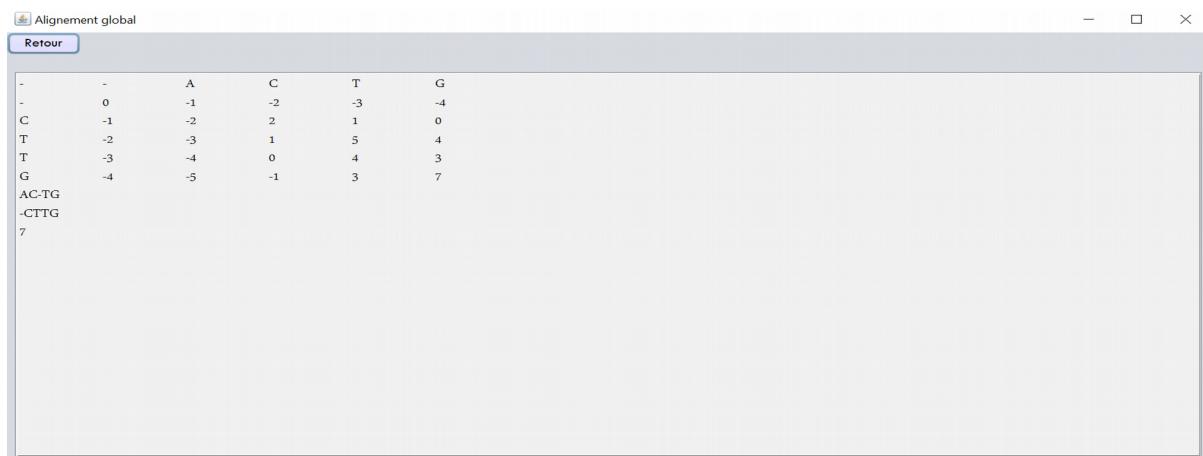


Illustration 13: Test - Alignement global ACTG / CCTG

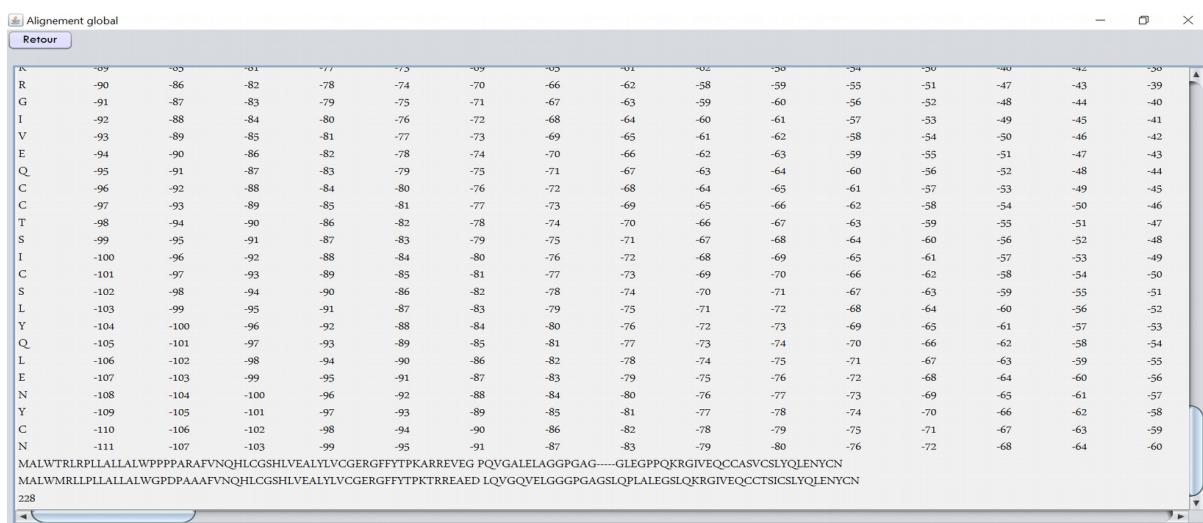


Illustration 14: Test - Alignement global avec l'insuline

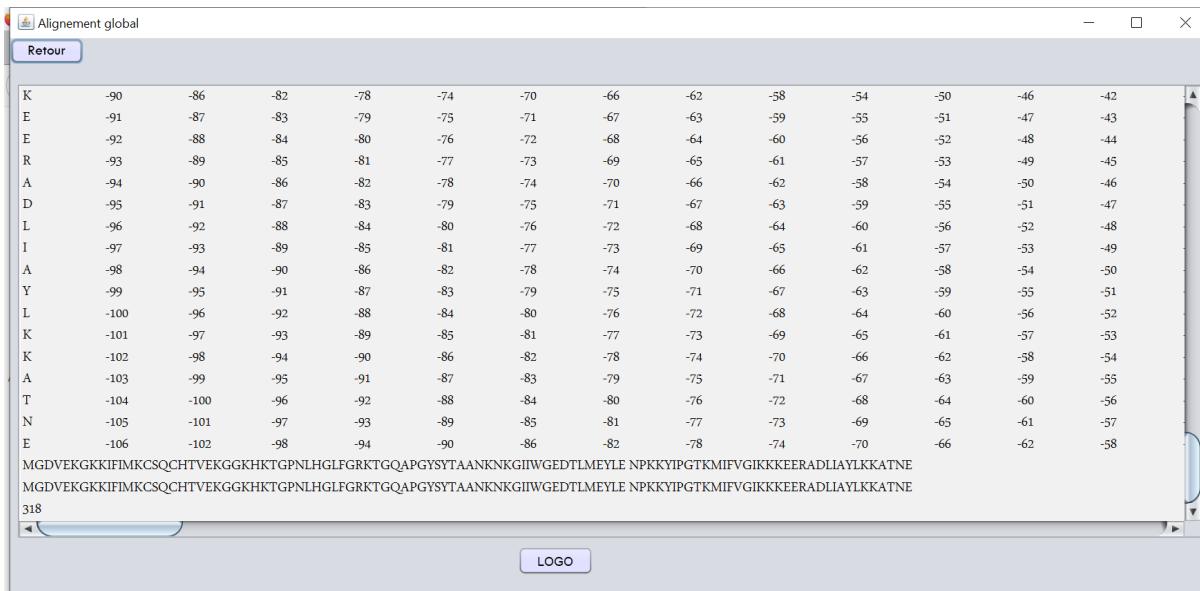


Illustration 15: Test - Alignement global avec le cytochrome c

Alignment multiple

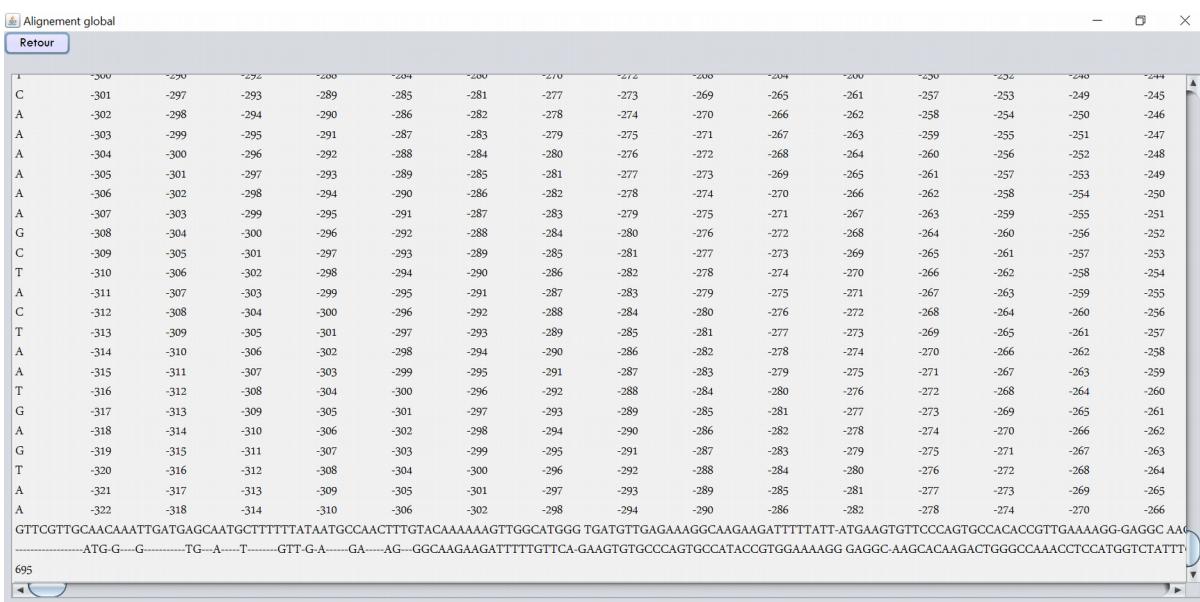


Illustration 16: Test - Alignement global avec deux séquences des séquences nucléiques (fichier)

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

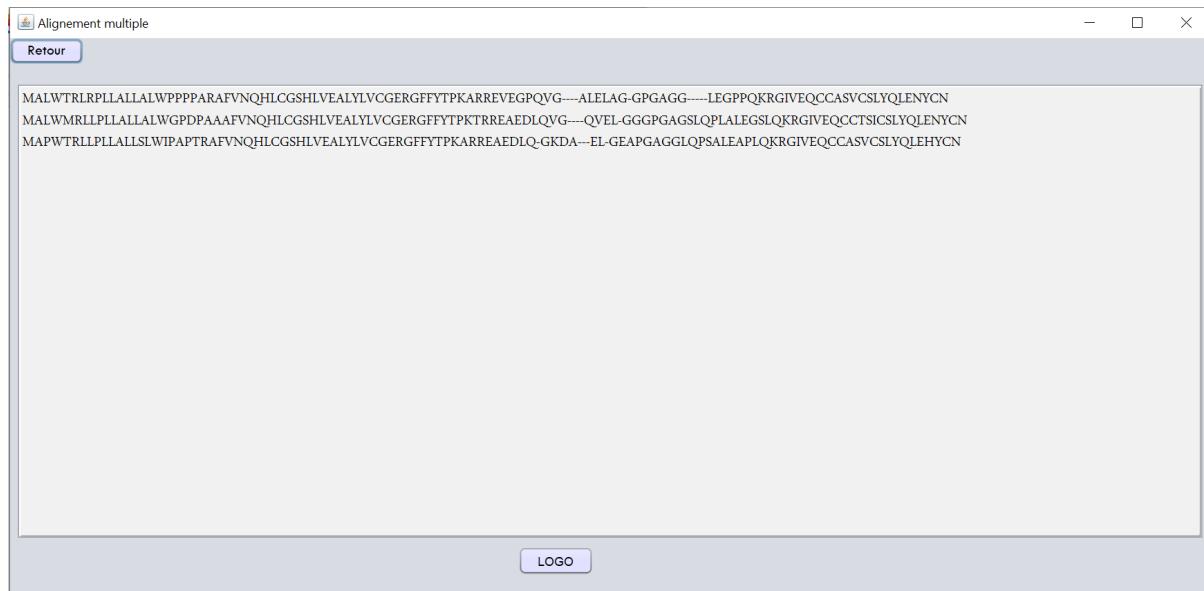


Illustration 17: Test - Alignement multiple avec l'insuline

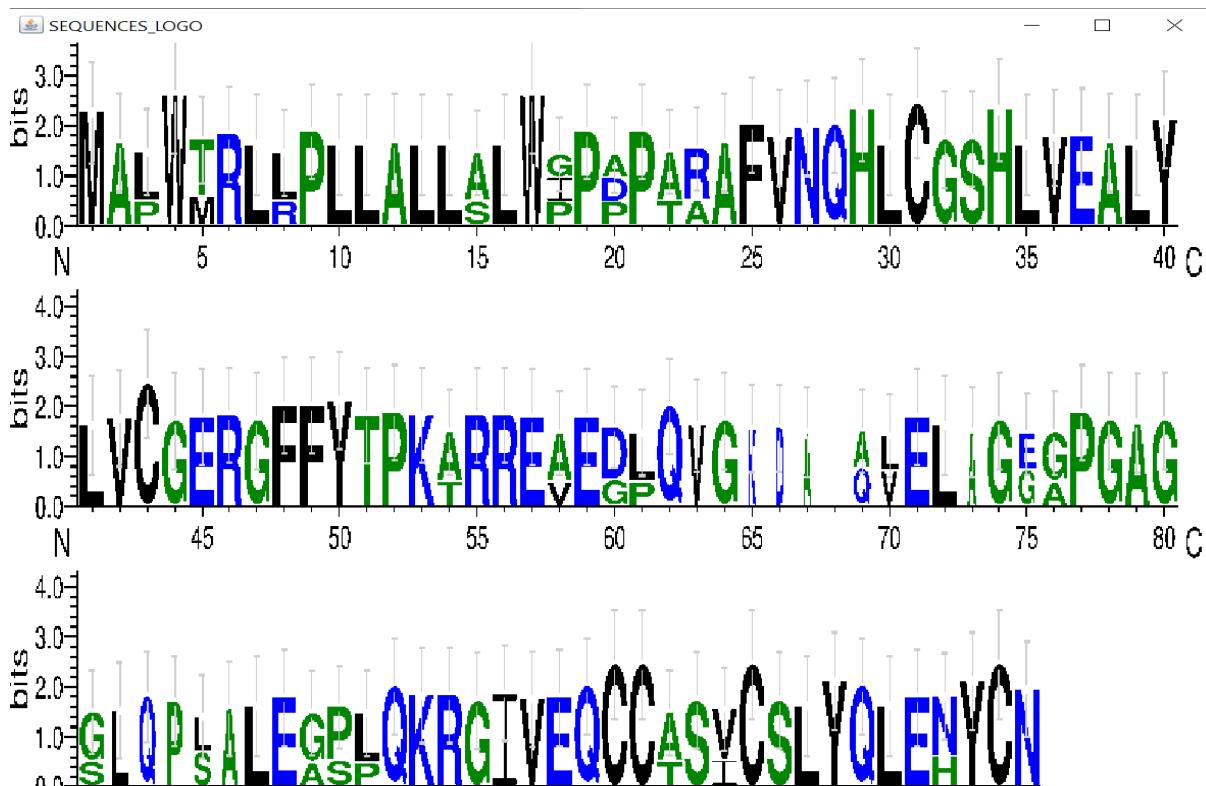


Illustration 18: Test - Logo avec l'insuline

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 19: Test - Alignement multiple avec le cytochrome c

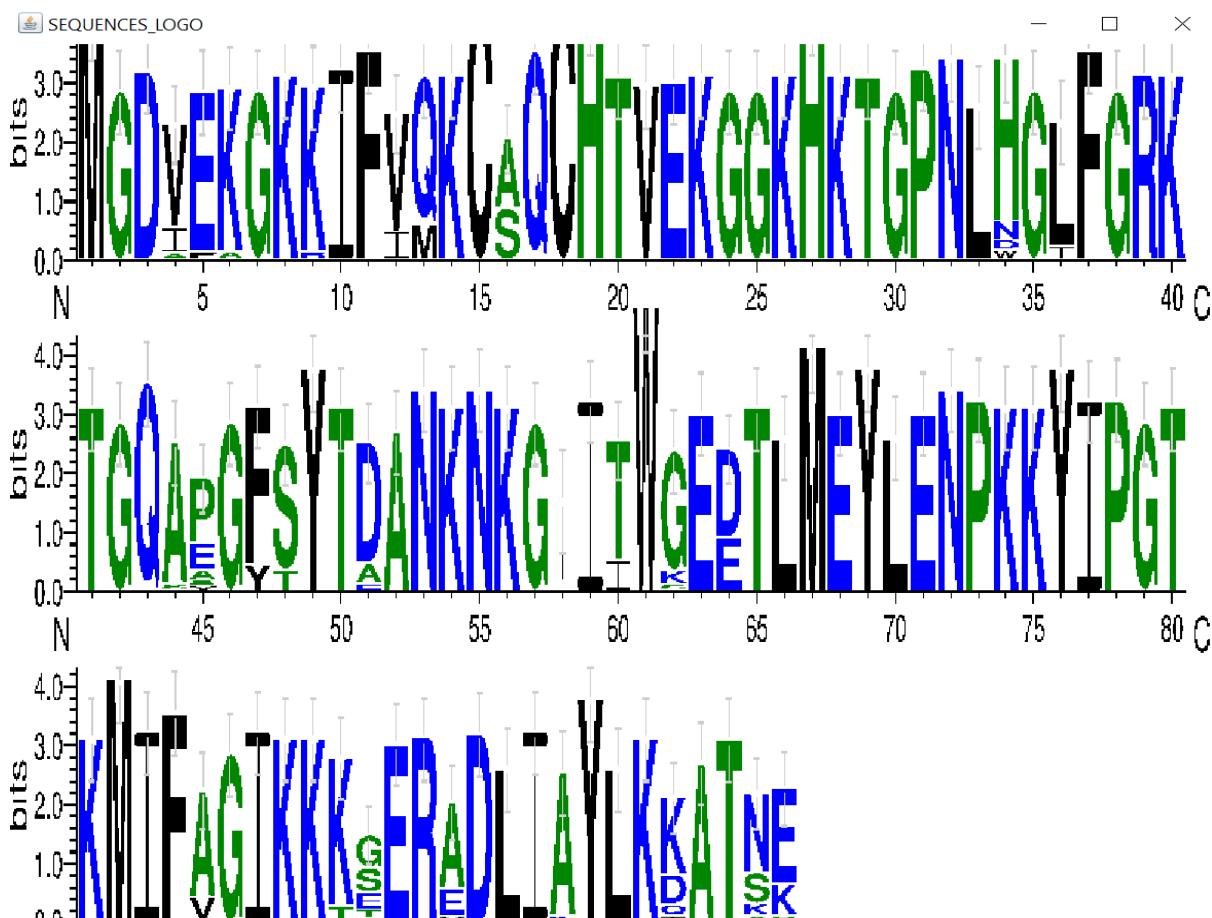


Illustration 20: Test - Logo avec le cytochrome c

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

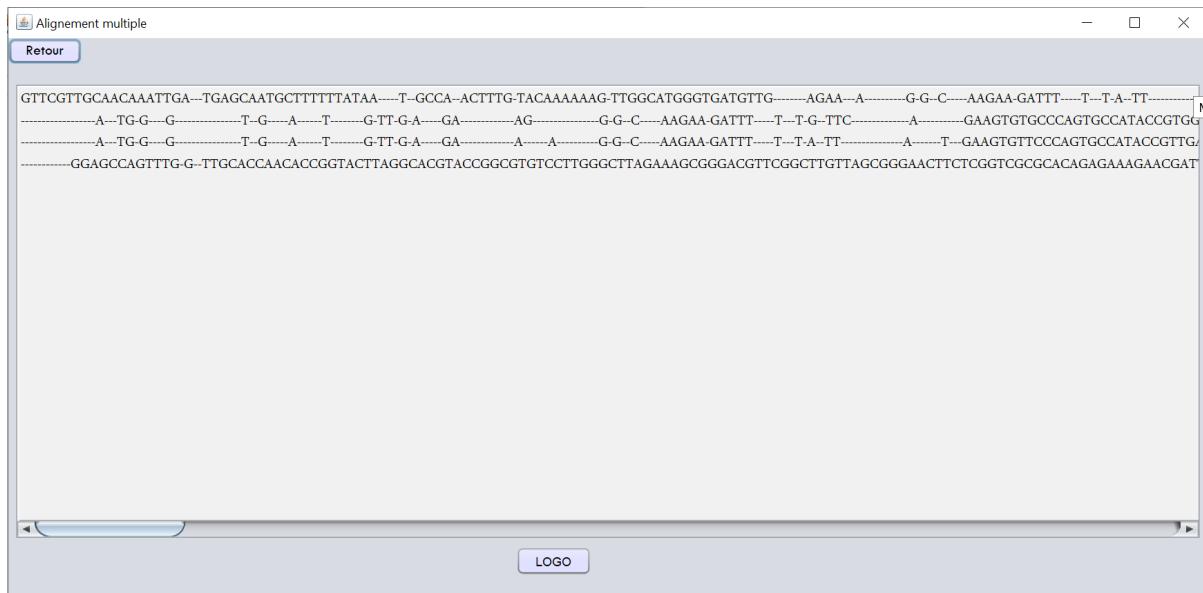


Illustration 21: Test - Alignement multiple avec les séquences nucléiques (fichier)



Illustration 22: Test - Logo avec les séquences nucléiques

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 23: Test - Alignement multiple avec ACTG / CTTG / CTTG

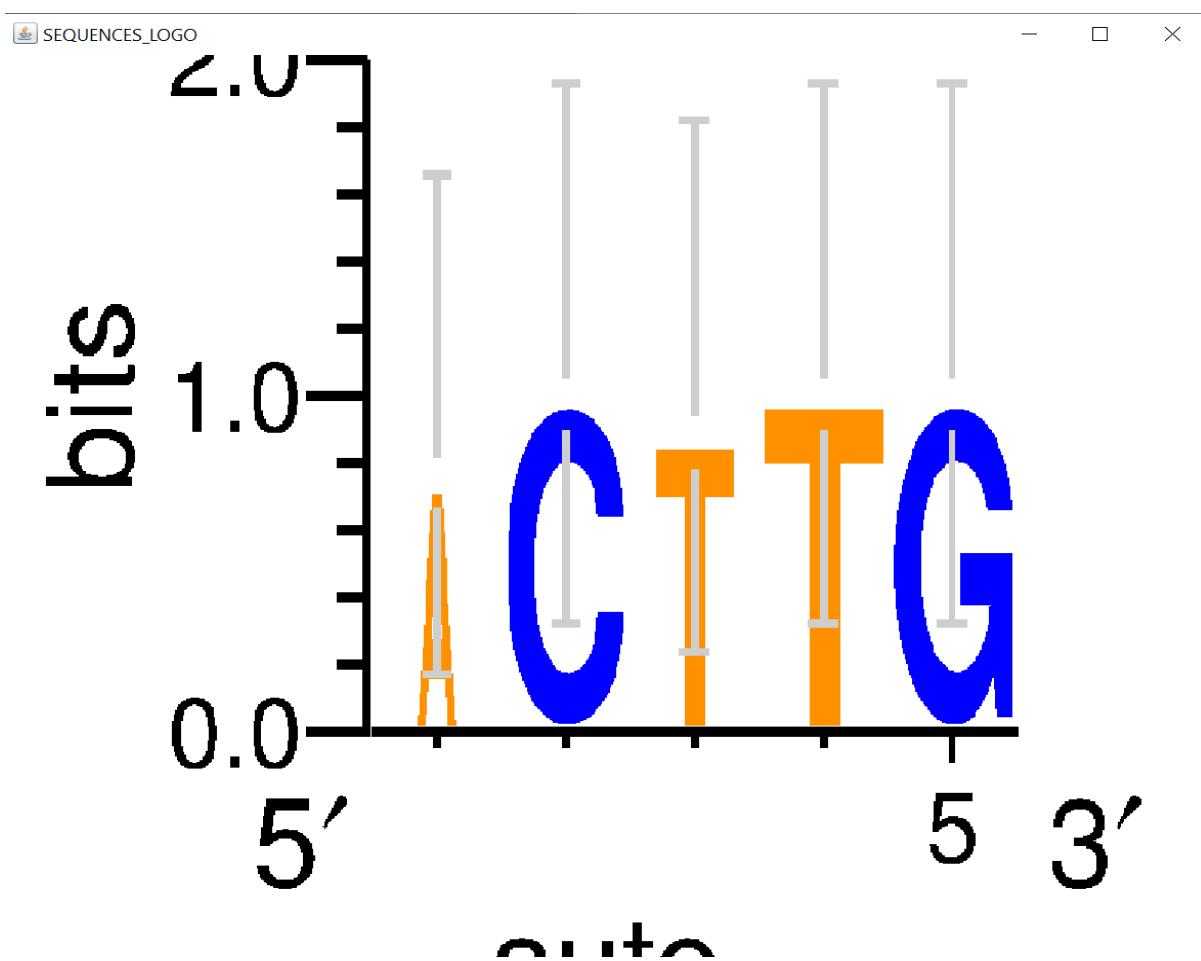


Illustration 24: Test - Logo avec ACTG / CTTG / CTTG

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 25: Test - Alignement mutiple avec **MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCI**A

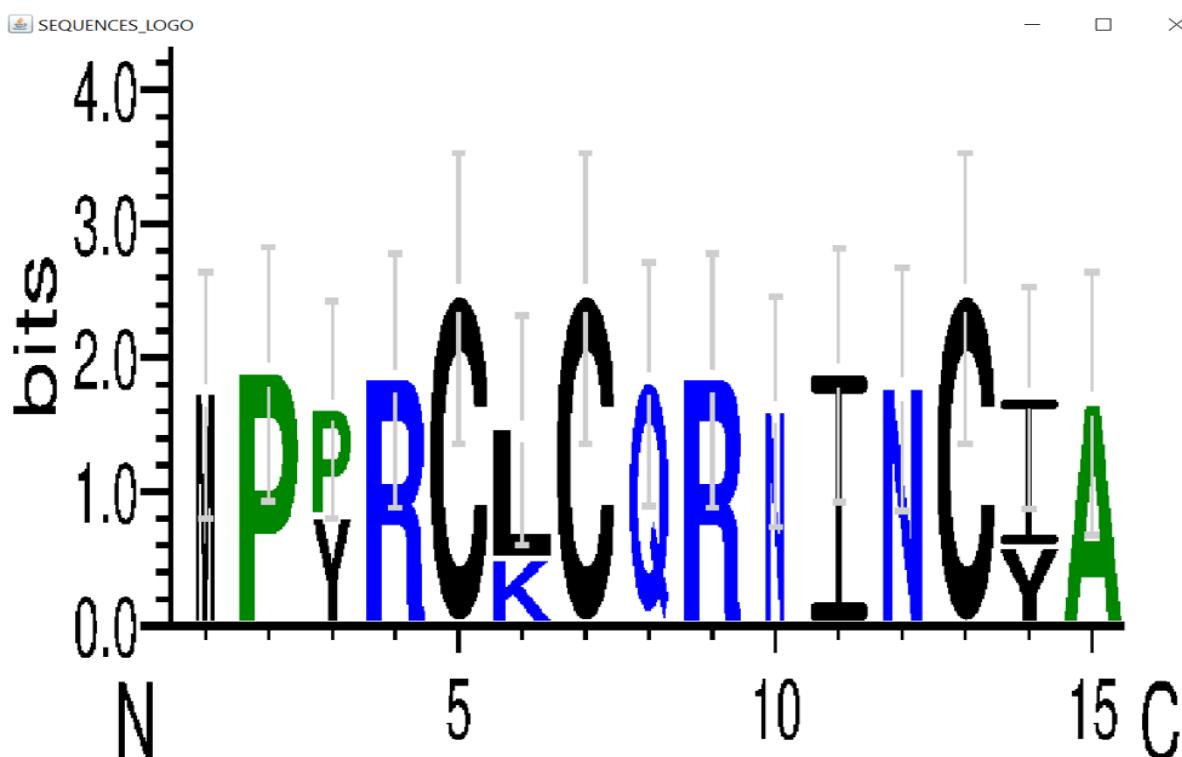


Illustration 26: Test - Logo avec **MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCI**A

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

Voici également différents tests de notre application avec les valeurs suivantes :
match (4) / mismatch (-4) / gap (-4)

Alignement global

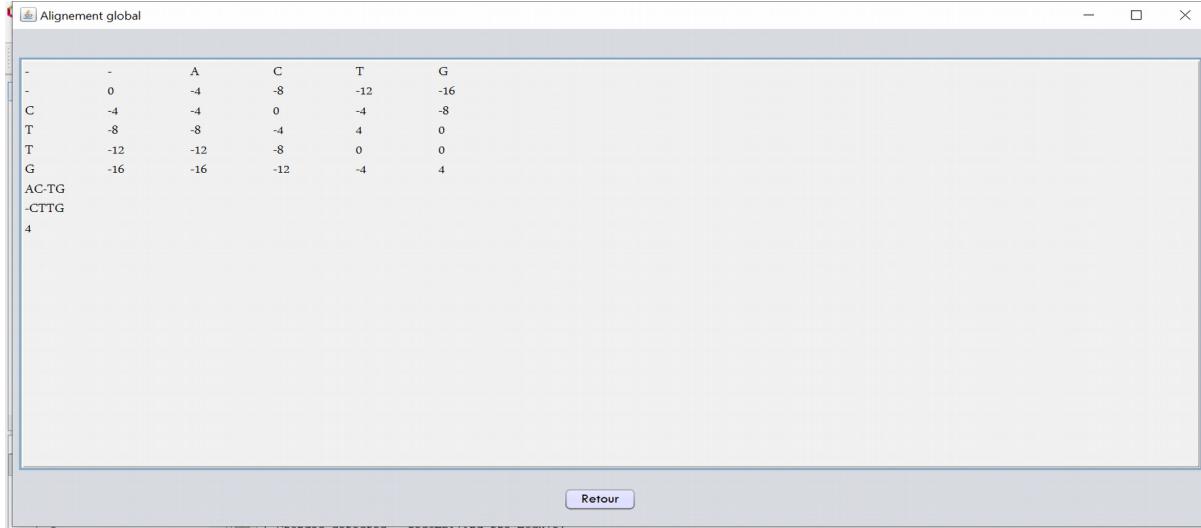


Illustration 27: Test2 - Alignement global avec ACTG / CTTG

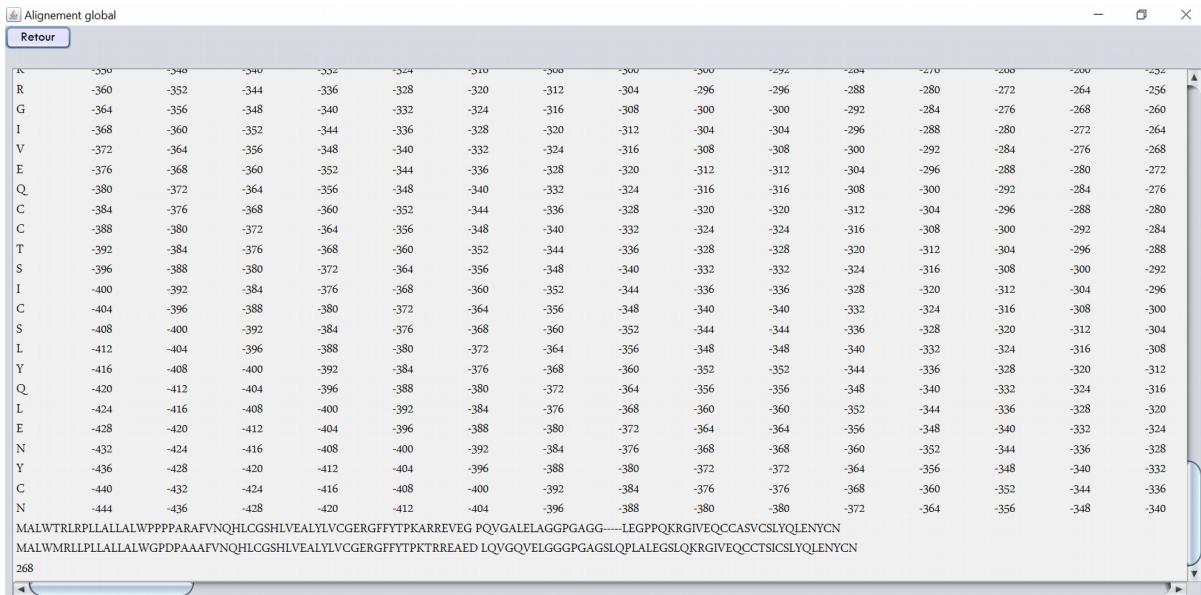


Illustration 28: Test2 - Alignement global avec deux séquences de l'insuline

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

Alignement global

Retour

I	-330	-320	-320	-312	-304	-290	-280	-260	-252	-240	-240	-232	-224
V	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284	-276	-268	-260	-252	-244
G	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288	-280	-272	-264	-256	-248
I	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284	-276	-268	-260	-252
K	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288	-280	-272	-264	-256
K	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284	-276	-268	-260
K	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288	-280	-272	-264
E	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284	-276	-268
E	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288	-280	-272
R	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284	-276
A	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288	-280
D	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292	-284
L	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296	-288
I	-388	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300	-292
A	-392	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304	-296
Y	-396	-388	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308	-300
L	-400	-392	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312	-304
K	-404	-396	-388	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316	-308
K	-408	-400	-392	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320	-312
A	-412	-404	-396	-388	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324	-316
T	-416	-408	-400	-392	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328	-320
N	-420	-412	-404	-396	-388	-380	-372	-364	-356	-348	-340	-332	-324
E	-424	-416	-408	-400	-392	-384	-376	-368	-360	-352	-344	-336	-328
MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGKHKHTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKNKGIWGEDTLMEYLE NPKKYIPGTKMIFVGIKKKERADLIYLKKATNE													
MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGKHKHTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKNKGIWGEDTLMEYLE NPKKYIPGTKMIFVGIKKKERADLIYLKKATNE													
424													

Illustration 29: Test2 - Alignement global avec deux séquences du cytochrome c

Alignement global

Retour

I	-1200	-1192	-1104	-1110	-1108	-1100	-1102	-1104	-1106	-1108	-1100	-1092	
C	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148	-1140	-1132	-1124	-1116	-1108
A	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152	-1144	-1136	-1128	-1120	-1112
A	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148	-1140	-1132	-1124	-1116
A	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152	-1144	-1136	-1128	-1120
A	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148	-1140	-1132	-1124
A	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152	-1144	-1136	-1128
A	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148	-1140	-1132
G	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152	-1144	-1136
C	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148	-1140
T	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152	-1144
A	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156	-1148
C	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160	-1152
T	-1252	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164	-1156
A	-1256	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168	-1160
A	-1260	-1252	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172	-1164
T	-1264	-1256	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176	-1168
G	-1268	-1260	-1252	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180	-1172
A	-1272	-1264	-1256	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184	-1176
G	-1276	-1268	-1260	-1252	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188	-1180
T	-1280	-1272	-1264	-1256	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192	-1184
A	-1284	-1276	-1268	-1260	-1252	-1244	-1236	-1228	-1220	-1212	-1204	-1196	-1188
A	-1288	-1280	-1272	-1264	-1256	-1248	-1240	-1232	-1224	-1216	-1208	-1200	-1192
GTTCTGTTCAACAAATTGATGAGCAATGCTTTATAATGCCAACCTTGATGGAGAAAAGCAAGAGATTTTATT-ATGAAGTGTCCAGTGCCACACCGTTGAAAGG-GAGGC AAGCACAAGACTGGCCAAACCTCCATGGCTATT													
512													

Illustration 30: Test2 - Alignement global avec deux séquences des séquences nucléiques (fichier)

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

Alignement multiple et Logo



Illustration 31: Test2 - Alignement multiple avec l'insuline

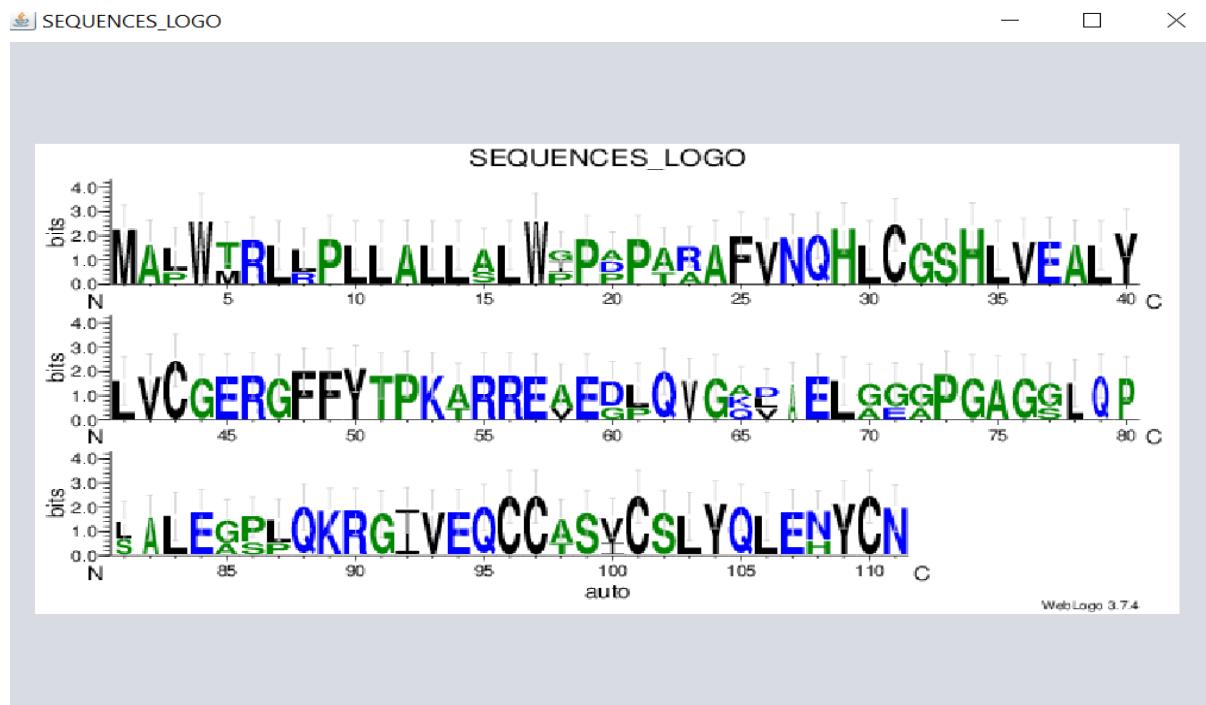


Illustration 32: Test2 - Logo avec l'insuline

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 33: Test2 - Alignement multiple avec le cytochrome c

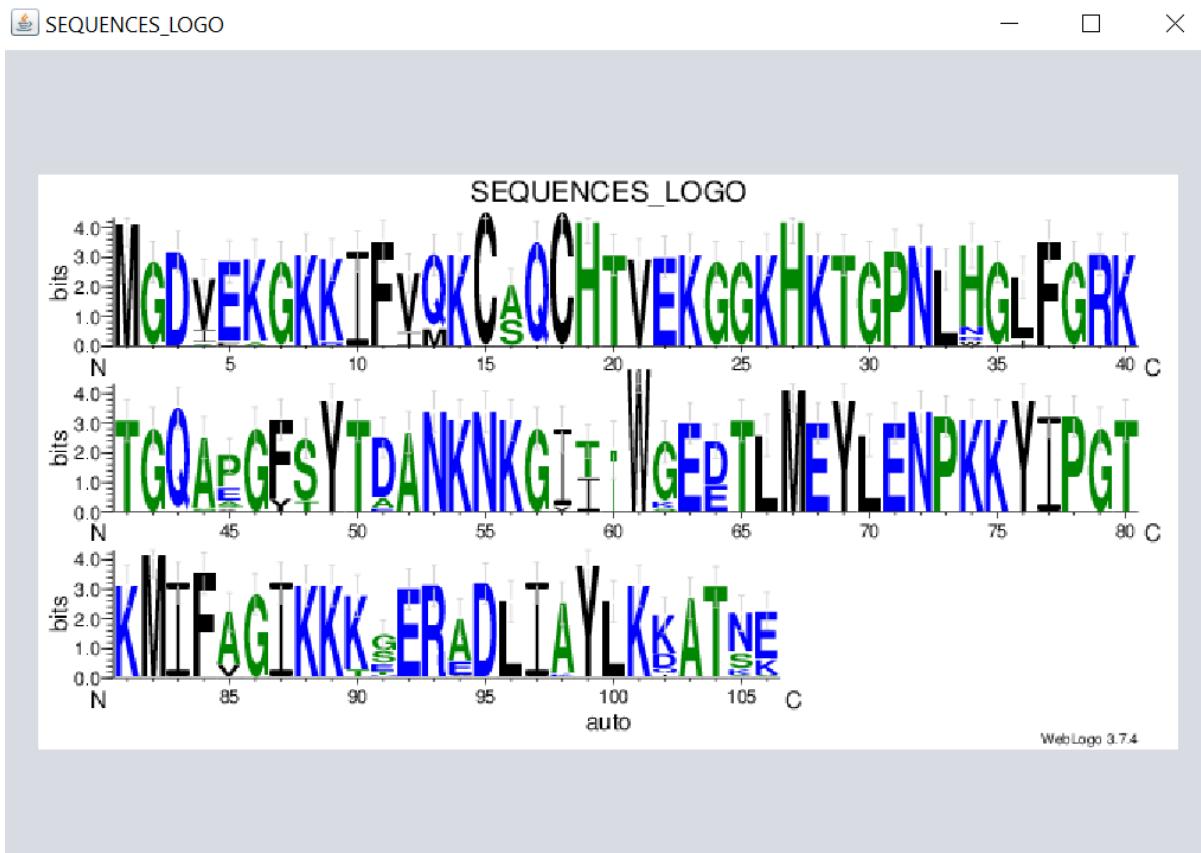


Illustration 34: Test2 - Logo avec le cytochrome c

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

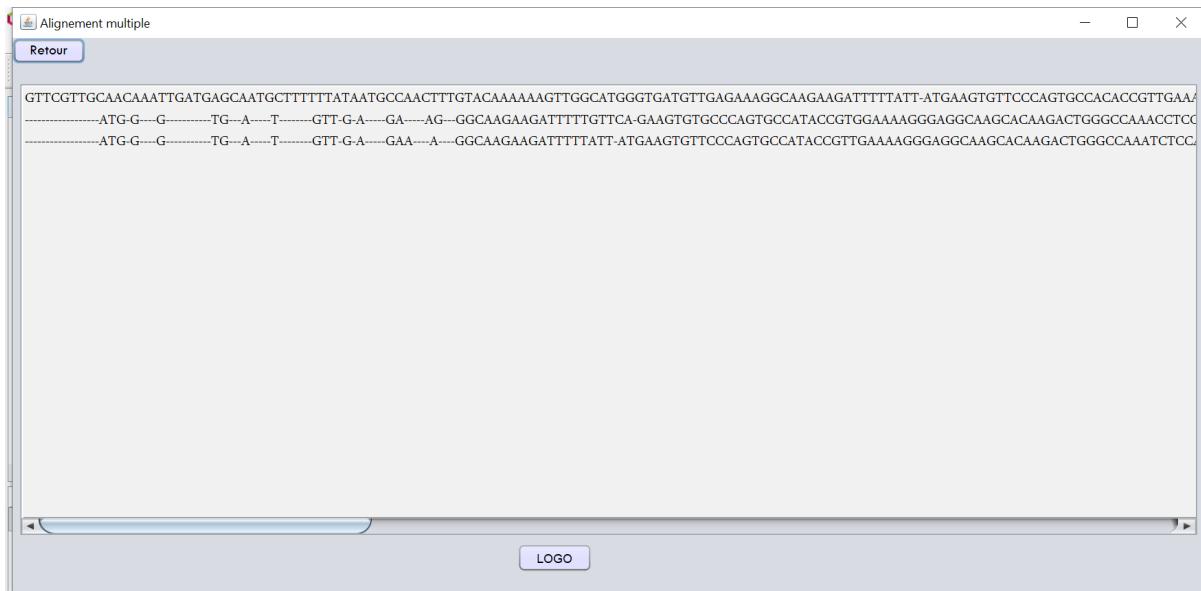


Illustration 35: Test2 - Alignement multiple avec les séquences nucléiques (fichier)



Illustration 36: Test2 - Logo avec les séquences nucléiques (fichier)

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 37: Test2 – Alignement multiple avec ACTG / CTTG / CTTG

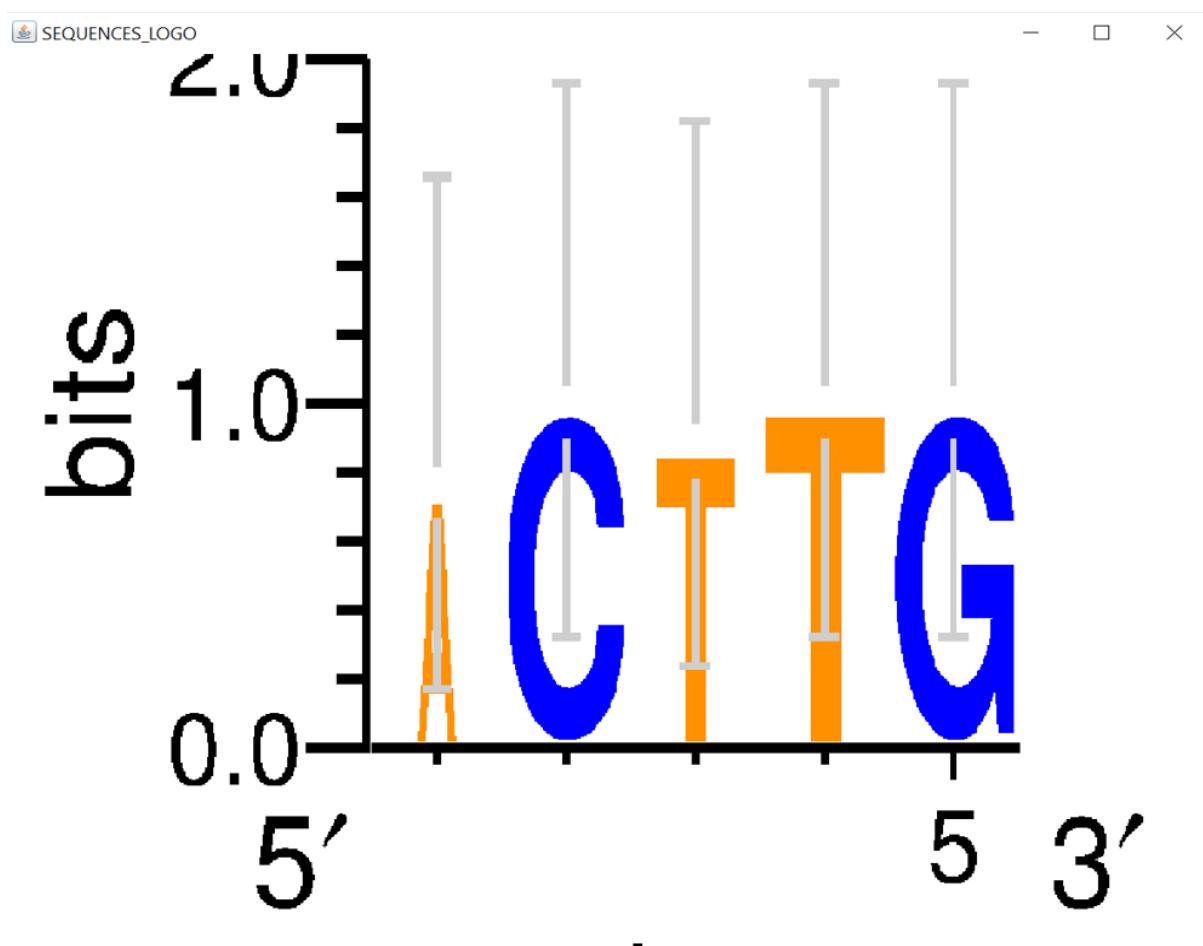


Illustration 38: Test2 - Logo avec ACTG / CTTG / CTTG

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique



Illustration 39: Test2 - Alignement mutiple avec *MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCI*A

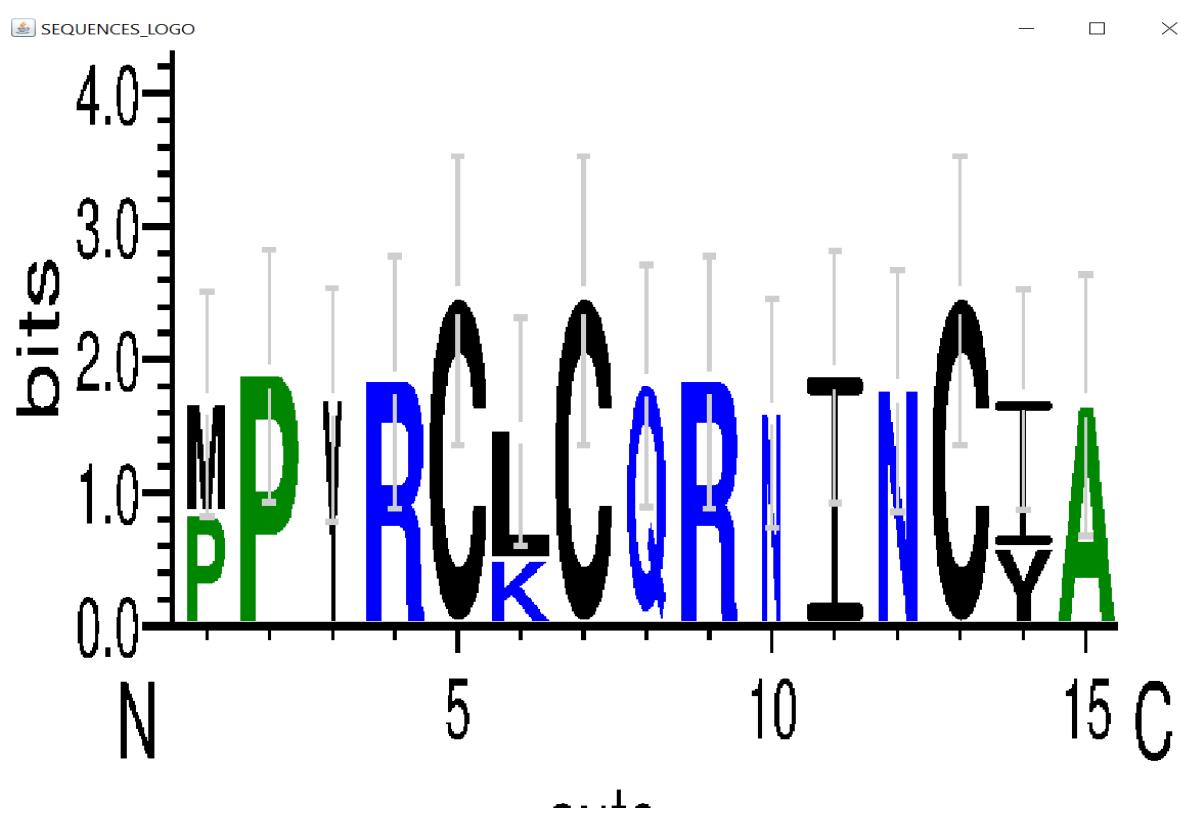


Illustration 40: Test - Logo avec *MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCI*A

7. Glossaire

- ★ **BIO-INFORMATIQUE** : discipline permettant d'analyser de l'information biologique qu'il y a dans les séquences nucléotidiques et protéiques
- ★ **PROGRAMMATION ORIENTÉE OBJET** : met en œuvre différents objets (instances de classes). Chaque objet associe des données et des méthodes (fonctions) agissant exclusivement sur les données
- ★ **ALGORITHME NEEDLEMAN - WUNSCH** : effectue un alignement global maximal de deux chaînes de caractères

- ★ **ALIGNEMENT GLOBAL** : recouvre les séquences alignées (par exemple 2 séquences) sur l'ensemble de leur longueur
- ★ **ALIGNEMENT MULTIPLE** : aligner un ensemble de séquences homologues, comme des séquences protéiques ou nucléiques qui assure des fonctions similaires dans différentes espèces vivantes
- ★ **WEBLOGO** : application web conçue pour rendre la génération de logos de séquence aussi simple que possible
- ★ **INTERFACE GRAPHIQUE** : relie les 3 modules et les présente de manière simple et efficace

- ★ **GAP, MATCH, MISMATCH** : valeurs pour alignement global
- ★ **FASTA** : format de fichier texte dans lesquels les séquences sont affichées par une suite de lettres

- ★ **NCBI** : National Centre for Biotechnology Information
- ★ **PROTEIN** : Base de données pour la récupération des séquences protéiques en format .fasta
- ★ **GENE** : Base de données pour récupération des séquences nucléiques en format .fasta

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

- ★ **NUCLEOTIDE** : Base de données pour la récupération des séquences nucléiques en format .fasta
 - ★ **UNIPROT** : Base de données pour la récupération des séquences protéiques en format .fasta
 - ★ **DDBJ** : Base de données pour la récupération des séquences nucléiques en format .fasta
-
- ★ **DNA** : Data Bank Japan
 - ★ **EMBL** : European Molecular Biology Laboratory
-
- ★ **EMBOSS** : outil bioinformatique pour l'alignement global – NEEDLE
 - ★ **BLAST** : outil bioinformatique pour l'alignement local
 - ★ **MULTALIN** : outil bioinformatique pour l'alignement multiple

8. Références

[Alignement de séquences](#)

[BNLEARN](#)

[DDBJ](#)

[National Centre for Biotechnology Information](#)

[Réseaux Bayésiens](#)

[UniProt](#)

[Alignement global](#)

[Alignement multiple](#)

[JAVA - Main \(site 1\)](#)

[JAVA - Main \(site 2\)](#)

[Chaînes de caractères](#)

[Tableau](#)

[Needleman et Wunsch – Java](#)

[Needleman et Wunsch – Python](#)

[MAFFT](#)

[EMBOSS](#)

[JAVA DOC](#)

9. Index

Index des figures

<i>Illustration 1: Image de présentation</i>	1
<i>Illustration 2: Page d'accueil du programme</i>	13
<i>Illustration 3: Exemple d'insertion des valeurs et des deux séquences</i>	14
<i>Illustration 4: Exemple d'affichage de deux séquences avant d'appuyer sur le bouton "Aligner"</i>	14
<i>Illustration 5: Exemple d'alignement avec des séquences de plus grandes tailles</i>	15
<i>Illustration 6: Exemple de messages d'erreur</i>	15
<i>Illustration 7: Page d'accueil pour alignement multiple</i>	18
<i>Illustration 8: Exemple pour remplir les champs et saisir un fichier pour l'alignement multiple</i>	18
<i>Illustration 9: Exemple d'alignement multiples avec séquences nucléiques</i>	19
<i>Illustration 10: Exemple logo avec Insuline</i>	21
<i>Illustration 11: Exemple logo avec séquences nucléiques</i>	21
<i>Illustration 12: Exemple logo avec Cytochrome c</i>	22
<i>Illustration 13: Test - Alignement global ACTG / CCTG</i>	25
<i>Illustration 14: Test - Alignement global avec l'insuline</i>	25

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

<i>Illustration 15: Test - Alignement global avec le cytochrome c</i>	26
<i>Illustration 16: Test - Alignement global avec deux séquences des séquences nucléiques (fichier)</i>	26
<i>Illustration 17: Test - Alignement multiple avec l'insuline</i>	27
<i>Illustration 18: Test - Logo avec l'insuline</i>	27
<i>Illustration 19: Test - Alignement multiple avec le cytochrome c</i>	28
<i>Illustration 20: Test - Logo avec le cytochrome c</i>	28
<i>Illustration 21: Test - Alignement multiple avec les séquences nucléiques (fichier)</i>	29
<i>Illustration 22: Test - Logo avec les séquences nucléiques</i>	29
<i>Illustration 23: Test - Alignement multiple avec ACTG / CTTG / CTTG</i>	30
<i>Illustration 24: Test - Logo avec ACTG / CTTG / CTTG</i>	30
<i>Illustration 25: Test - Alignement mutiple avec MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCIA</i>	31
<i>Illustration 26: Test - Logo avec MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINCIA</i>	31
<i>Illustration 27: Test2 - Alignement global avec ACTG / CTTG</i>	32
<i>Illustration 28: Test2 - Alignement global avec deux séquences de l'insuline</i>	32
<i>Illustration 29: Test2 - Alignement global avec deux séquences du cytochrome c</i>	33
<i>Illustration 30: Test2 - Alignement global avec deux séquences des séquences nucléiques (fichier)</i>	33

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

<i>Illustration 31: Test2 - Alignement multiple avec l'insuline</i>	34
<i>Illustration 32: Test2 - Logo avec l'insuline</i>	34
<i>Illustration 33: Test2 - Alignement multiple avec le cytochrome c</i>	35
<i>Illustration 34: Test2 - Logo avec le cytochrome c</i>	35
<i>Illustration 35: Test2 - Alignement multiple avec les séquences nucléiques (fichier)</i>	36
<i>Illustration 36: Test2 - Logo avec les séquences nucléiques (fichier)</i>	36
<i>Illustration 37: Test2 – Alignement multiple avec ACTG / CTTG / CTTG</i>	37
<i>Illustration 38: Test2 - Logo avec ACTG / CTTG / CTTG</i>	37
<i>Illustration 39: Test2 - Alignement mutiple avec MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINClA</i>	38
<i>Illustration 40: Test - Logo avec MPRCLCQRINCYA / PYRCKCRNICIA / PPRCLCQRINClA</i>	38

Index lexical

7zip	24
ADN	13
alignement global	6, 12 sv, 16
Alignement global	6, 41
Alignement Global	12
ALIGNEMENT GLOBAL	12

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

alignement multiple	16, 18
Alignement multiple	6, 41
Alignment Multiple	16
ALIGNEMENT MULTIPLE	16
	6, 12 sv, 16 sv
Aligner	14, 18
aln-fa	6, 20
application	6, 12, 16, 19
Application	11
classes	6, 10, 23
Covid	7
COVID	6
Cytochrome c	7, 17, 20
Eclipse	10, 12, 16, 19, 22, 24
fasta	6 sv, 12, 17 sv
Fasta	10
FrameAG	12 sv
FrameAM	17

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

FramePrincipale	6, 12, 16, 19
gap	12 sv, 16 sv, 20
Ide	12, 16, 19, 22
IDE	22
Insuline	7, 17, 20
interface graphique	6, 22
Interface graphique	10
INTERFACE GRAPHIQUE	22
java	6 sv, 12, 16, 19, 22, 25
Java	10, 41
JAVA	41
logo	6, 10, 19 sv, 22 sv
Logo	6, 20
LOGO	19 sv
match	12 sv, 16 sv, 20
message d'erreur	13
messages d'erreur	15
mismatch	12 sv, 16 sv, 20

Projet L2D - Introduction à la bioinformatique

Netbeans	22
nucléotidiques	6
page d'accueil	12, 16
plan de test	6
plan de tests	6, 8
Plan de tests	1
projet	6, 9, 24
Projet	1
PROTEINE	13
retour	15
Retour	15
séquences nucléiques	19
Séquences nucléiques	7, 17, 20
séquences protéiques	6, 11, 17
Winrar	24