

Mode d'emploi

The screenshot shows a web application titled "Alignement de séquences". The main area has a light blue background. At the top, there are two input fields for "Séquence 1" and "Séquence 2", each with a small infinity button to its right. Below these, there are three buttons: "Réinitialiser", "+", and "-". At the bottom of the main area is a button labeled "Indice de proximité". On the right side, there is a dark blue sidebar with several controls: a "Taille séquence aléatoire" section with a value of 100 and an infinity button; a "Nom des séquences" section with two input fields labeled "1- Séquence 1" and "2- Séquence 2", and a "Sauvegarder" button below them.

1. Cette case sert à entrer les séquences qu'on aimerait ajouter manuellement (c'est valable pour toutes les autres cases qui apparaissent sous le titre "Alignement de séquences").
2. À côté, il y a un bouton avec le symbole de l'infini qui sert à générer un nombre infini de possibilités de séquences au hasard.
3. Plus en bas, le bouton + sert à ajouter des cases de séquences. Il y a seulement 8 séquences qui peuvent être entrées en même temps, donc après que la 8ème case apparaisse, le bouton ne fait plus rien.
4. Même chose avec le bouton -, sauf que c'est l'inverse. Après qu'il y ait plus de 2 séquences sur l'écran, le bouton - a pour rôle d'enlever des cases jusqu'à ce qu'il en reste deux, puisqu'on ne peut pas comparer qu'une seule séquence.
5. Le bouton "Réinitialiser" sert à tout enlever et recommencer à zéro, comme si on appuyait sur le bouton recharger de la page web.
6. Quand on appuie sur le bouton "Indice de proximité", ça nous renvoie une autre page, où il y a donc le calcul de l'indice de proximité, ainsi qu'une visualisation des endroits où se présente la proximité et l'arbre de parenté (phylogénétique).
7. Ce bouton la sert à définir la longueur des séquences qu'on aimerait générer au hasard
8. Et donc ce bouton sert à générer des séquences de la taille définie précédemment dans toutes les cases.
9. Dans cette partie de la page, on peut renommer les séquences pour qu'on se rappelle plus facilement quelle séquence était laquelle. Donc on peut les appeler comme on veut.
10. Donc le bouton "sauvegarder" sert à sauvegarder les noms des séquences, pour que quand ça renvoie l'indice de proximité, ça montre quelle séquence est laquelle.

A noter: La version pour MacOS ne permet pas l'exécution de la totalité des fonctionnalités. En effet, nous avons eu des problèmes à adapter la génération d'arbres phylogénétiques pour les utilisateurs Mac en raison de l'ancienneté de la version du logiciel d'alignement des séquences, qui est incompatible avec l'architecture ARM des processeurs Apple plus récents. Nous avons utilisé un autre logiciel, mais qui ne possède pas toutes les fonctionnalités que nous voulions incorporer.

A installer:

- Biopython (pip install biopython)
- Matplotlib (pip install matplotlib)
- Flask (si le module n'est pas déjà installé)