

Rapport

Conduite et Gestion de Projet

Nivetha VIJAYATHARAN
Ghiles YAHATENE
Sasha MASNIKOSA
Imad MEGHELLI

Mai 2024

Enseignants :
Nabil MAAZOUZI
Basarab MATEI

Sommaire

I- CONTEXTE ET OBJECTIFS DU PROJET	p.3
1 - Le Contexte	p.3
2 - Objectifs	p.3
II - PHASES DE PLANIFICATION	p.4
1 - Etude de faisabilité	p.4
1.1 - Temps de Développement	p.4
1.2 - Coût du Projet	p.4
1.3 - Existence d'Algorithmes Rapides (Algorithme du Texte)	p.5
2 - Gestion des risques	p.6
III - ORGANISATION STRUCTURELLE DU PROJET	p.8
1 - Méthodologie de gestion de projet utilisée	p.8
2 - Acteurs	p.8
2.1 - Acteurs Internes	p.8
2.2 - Acteurs Externes	p.9
IV- PHASES DE CONCEPTION	p.9
1 - Phase d'analyse	p.9
2 - Répartition des ressources	p.14
3 - Répartition des tâches	p.15
3.1 - Organigramme des tâches du projet (WBS)	p.15
3.2 - Diagramme de Gantt	p.16
3.3 - Diagramme de Pert	p.17
4 - Phase de Codage	p.19
4.1 - Sécurité	p.19
4.2 - Critères d'évaluation de sécurité	p.20
5 - Phase des Tests Unitaires	p.20
6 - Phase des Tests d'Intégration	p.21
V- PHASES DE RÉALISATION	p.21
1 - Coordination et Contrôle Rigoureux	p.22
2 - Interface graphique de l'application	p.23
3 - Fonctionnalités d'insertion d'adn	p.24
4 - Fonctionnalités de manipulations de l'adn	p.25
5 - Fonctionnalités d'analyse adn	p.26
6 - Fonctionnalités de manipulation et analyse de l'adn	p.27
VI - PHASE DE CLÔTURE	p.28
ANNEXE	p.29

I - CONTEXTE ET OBJECTIFS DU PROJET

1 - Le Contexte

Le contexte dans lequel nous nous situons est marqué par les progrès considérables réalisés dans le domaine de la médecine, en particulier dans le domaine de l'avancement médical. Ces avancées sont largement dues à notre compréhension croissante de l'ADN, la molécule fondamentale de l'hérédité et de l'information génétique.

Depuis les premières découvertes sur la structure de l'ADN par Watson et Crick dans les années 1950, notre compréhension de cette molécule a considérablement évolué. Nous avons appris à décoder les séquences d'ADN, ce qui a ouvert la voie à une multitude d'applications médicales révolutionnaires. L'importance de l'ADN dans la compréhension des maladies, la prévention et le traitement a été largement reconnue.

Parallèlement à ces avancées, l'informatique a joué un rôle crucial dans l'analyse des séquences d'ADN en laboratoire. Les énormes quantités de données générées nécessitent des outils informatiques sophistiqués pour les analyser, les interpréter et en tirer des conclusions pertinentes. L'informatique a permis d'accélérer le processus d'analyse et d'identifier des motifs ou des anomalies dans les séquences d'ADN qui seraient autrement difficiles à détecter.

Aujourd'hui, dans ce contexte de compréhension avancée de l'ADN et de dépendance à l'informatique pour son analyse, il existe une demande croissante pour des outils plus efficaces dans les laboratoires d'analyse médicale. Les laboratoires comme BIOTECH sont confrontés à un volume toujours croissant de données génétiques à analyser, ce qui nécessite des solutions innovantes pour accélérer et améliorer ce processus.

Dans ce contexte, la création d'une application de recherche et de comparaison de séquences d'ADN devient une priorité pour les laboratoires comme BIOTECH. Une telle application permettrait de rationaliser et d'automatiser une partie importante du processus d'analyse, offrant des résultats plus rapides et plus précis, ce qui pourrait avoir un impact significatif sur les diagnostics médicaux et les traitements.

2 - Objectifs

Le but du projet consiste en la création d'une application de manipulation de séquences d'ADN en utilisant des algorithmes plus performants afin d'avoir des résultats plus rapidement. Cette application est destinée au laboratoire d'analyse médicale BIOTECH.

II - PHASES DE PLANIFICATION

1 - Etude de faisabilité

1.1 - Temps de Développement

Le temps de développement est estimé en fonction des différentes tâches identifiées dans le projet. À chaque tâche est allouée une durée en semaines, basée sur les estimations de complexité et de dépendance entre les différentes parties du projet.

- Développement de l'Interface Graphique : 2 semaines
- Implémentation des fonctionnalités d'analyse ADN : 4 semaines
- Tests & Finalisation de l'application: 2 semaines

Le temps total estimé pour le développement de l'application est donc de 8 semaines.

1.2 - Coût du Projet

Le coût du projet comprend principalement les ressources humaines et techniques nécessaires à son développement. Les ressources humaines impliquées sont quatre développeurs spécialisés dont un chef de projet, tous travaillant à temps plein pendant les semaines définies pour chaque tâche. Les coûts en termes de salaires et d'heures de travail sont calculés en fonction des taux horaires des membres de l'équipe.

De plus, les coûts techniques comprennent l'acquisition ou l'utilisation de toute technologie spécifique nécessaire au développement de l'application. Cela peut inclure des outils de développement, des licences logicielles, et éventuellement des frais d'hébergement pour l'application finale.

Voici la répartition du budget pour ce projet :

Cadrage	Responsable	Coût Journalier (en euros net)	Durée journalier (en jours)	Coût estimé de la tâche (en euros)
Phase de Plannification				
Equipe				
Chef de projet		250	40	10000
Développeurs (3 Membres)		300	40	12000
coût total de l'équipe				22000
Depenses additionnel :				-
Infrastructure et Équipement:	Ressources Humaines de l'Entreprises			13000
Logiciels Informatiques (IDE)	Ressources Humaines de l'Entreprises			5000
Matériels Informatiques (câbles, ordinateurs)	Ressources Humaines de l'Entreprises			8000
Formations et Développements logiciels				5000
Frais imprévus(10%)				5300
Coût des dépenses additionnels				36300
Total				58300

1.3 - Existence d'Algorithmes Rapides (Algorithme du Texte)

L'implémentation de l'algorithme de comparaison de séquences d'ADN nécessite des algorithmes efficaces pour garantir des performances optimales en termes de temps d'exécution et de consommation de mémoire. Des algorithmes classiques comme l'algorithme de comparaison par index (utilisant des structures de données comme les tables de suffixes ou de hachage) peuvent être envisagés pour cette tâche.

Il est crucial de sélectionner des algorithmes adaptés qui puissent gérer efficacement les grandes quantités de données générées par les séquences d'ADN.

Voici quelques exemple d'algorithmes de texte:

- Algorithme de comparaison par index : Cet algorithme repose sur l'utilisation de structures de données telles que les tables de suffixes ou de hachage pour indexer les séquences d'ADN. Cela permet de rechercher rapidement des motifs spécifiques dans les séquences, ce qui est essentiel pour de nombreuses applications, notamment l'alignement de séquences et la recherche de similarités.

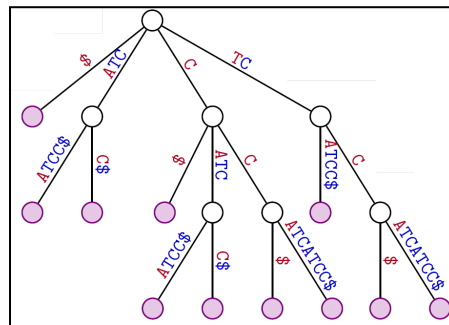


Schéma d'algorithme de comparaison par index

- Algorithmes de recherche de motifs : Ces algorithmes sont conçus pour trouver des motifs spécifiques dans les séquences d'ADN. Ils peuvent être basés sur des techniques telles que les automates finis, les arbres de suffixes, ou les matrices de profil pour identifier des motifs conservés dans les séquences.

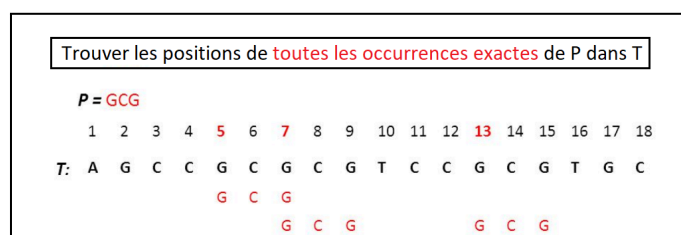
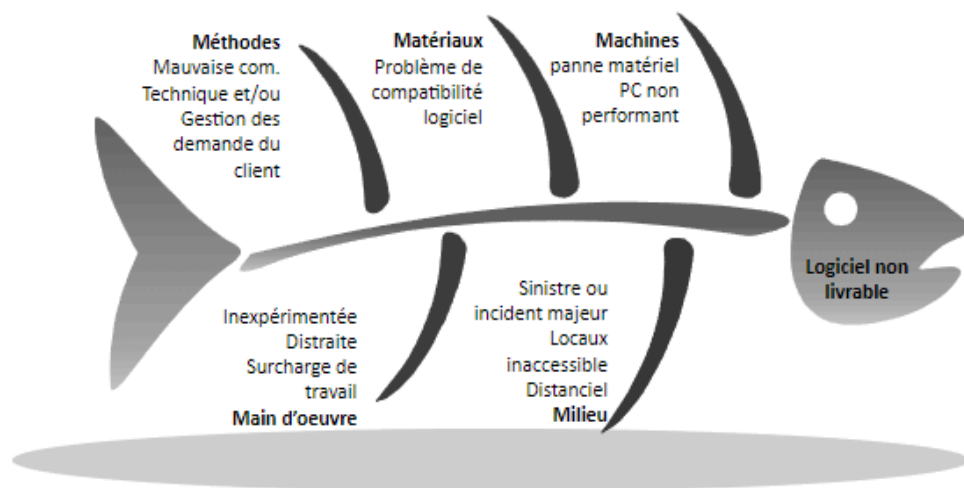


Schéma d'algorithme de recherche de motifs

2 - Gestion des risques

Notre approche de gestion des risques de projet repose sur un processus méthodique et itératif visant à anticiper, évaluer et maîtriser les risques tout au long du cycle de vie du projet. Pour s'assurer du succès de notre projet, nous avons commencé par identifier les différentes raisons pouvant empêcher la délivrabilité du projet. Nous avons pour projet de développer un logiciel de manipulation et traitement de données ADN. Nous avons utilisé le diagramme d'Ishikawa pour modéliser les risques encourus :

Diagramme d'Ishikawa



Méthodes : Nous avons pris le temps pour faire la spécification de la demande du client et prenons le temps de communiquer lors de réunions hebdomadaires ainsi qu'en facilitant une communication directe entre les différents membres du projet. Objectifs précis et deadlines fixes. Méthode Agile

Matériaux : Utilisation du langage de programmation Python, qui a l'avantage d'être facilement portable entre différentes machines et OS sans avoir à changer le code.

Machines : Le budget alloué au projet a permis l'acquisition de nouveaux équipements.

Main d'oeuvre : Compensation de l'inexpérience par la recherche, la distraction par des deadlines fixes et la surcharge de travail par des objectifs atteignables.

Milieu : Les locaux sont assurés en cas de sinistre. L'assurance inclut la mise à disposition de bureaux durant la période de rénovation.

Voici un tableau qui expose plus de risques ainsi que les mesures nécessaires :

GESTION DES RISQUES DU PROJET

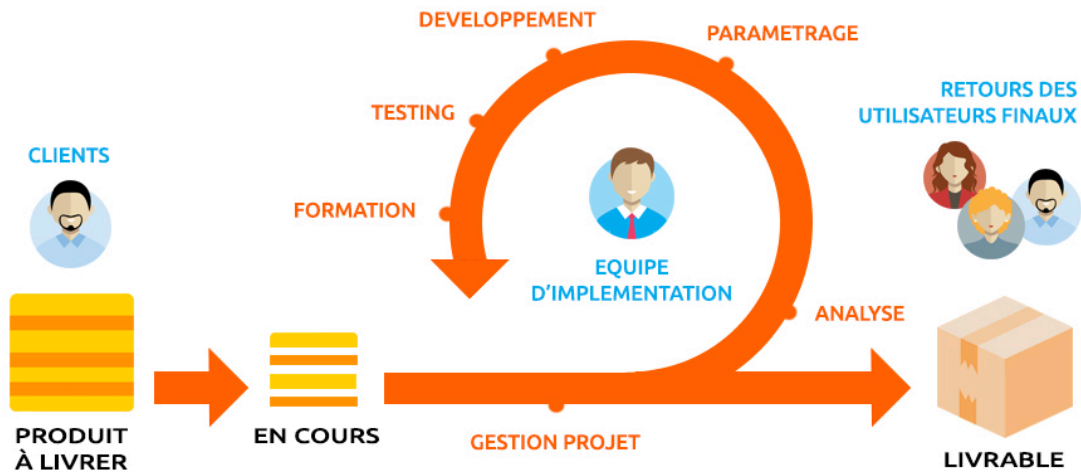
N°	Liste des risques	Causes	Effet sur les objectifs	Mesures préventives	Mesures curatives	Niveau de Risques
1	Dépassement des coûts	Mauvaise estimation ou non contrôle du projet	Baisse du Bénéfice	Assurer le contrôle et le suivi du projet en terme de coût	Réunion d'explication et ré estimation des coût	Elevé
2	Non respect des délais	Mauvaise estimation ou non respect du planning	Livraison retardée et paiement des pénalités	Assurer le contrôle et le suivi du projet en terme de délai	Réunion d'explication et replanification	Elevé
3	Non acceptation des interfaces graphique par le client	Ergonomie des interfaces inadaptée	Décalage au niveau de la planification (ce qui augmente le cout et le délai de projets)	Valider les IHM avec le client avant de commencer le développement	-	Acceptable
4	Absence ou maladie d'un membre d'équipe	Changement au niveau de planification et de réaffectation des taches	Dépassement des charges en terme de coût et de temps	-	Recrutement Heures supplémentaires	Acceptable
5	Rejet de l'application	Mauvaise performance	Impact sur notre engagement (la performance)	Assurer le contrôle et le suivi des performances du projet	Faire des corrections et des tests de performance	Elevé
6	Rejet de l'application	Manque de fiabilité dans le système	Impact sur notre engagement (la fiabilité)	Contrôler la fiabilité du système	Faire des corrections et des tests de fiabilité	Elevé
7	Des Bugs dans l'application	Tests unitaires mal fait	Augmentation des coût	Prévoir les fiches de tests unitaires	Refaire les tests unitaires et corriger les bugs	Moyen
8	Problèmes fonctionnels	Mal compréhension de des besoins fonctionnels	Augmentation des coût	Prévoir les fiches de tests d'intégration	Refaire les tests d'intégration et corriger les problème fonctionnels	Moyen

III - ORGANISATION STRUCTURELLE DU PROJET

1 - Méthodologie de gestion de projet utilisée

Ce projet suivra la Méthode *AGILE* car elle permet de :

- S'adapter rapidement aux évolutions des besoins client et du marché.
- Fournir des versions fonctionnelles du produit à intervalles réguliers, prenant ainsi en compte la satisfaction du client.
- Favoriser la collaboration, l'autonomie et la responsabilisation, améliorant ainsi la qualité et la motivation.
- Organisation de réunions hebdomadaires facilitant la communication au sein de l'équipe



2 - Acteurs

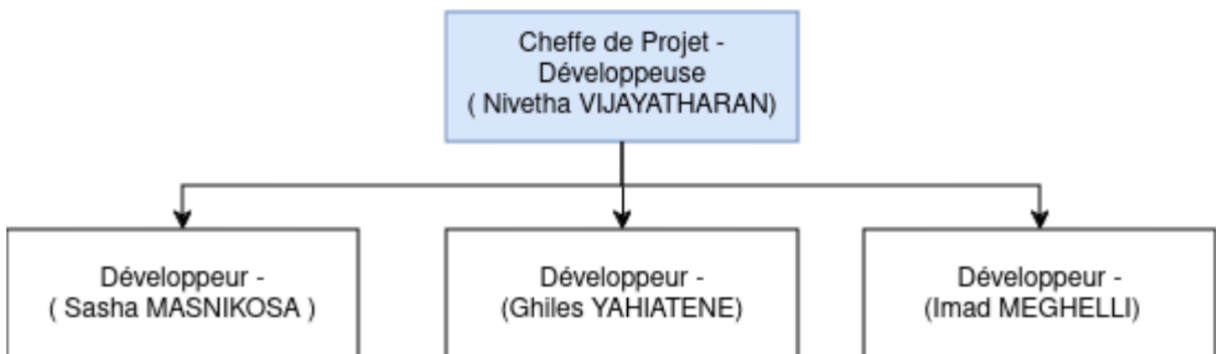
L'analyse de l'offre nous a permis d'identifier deux catégories d'acteurs :

2.1 - Acteurs Internes

Notre équipe de projet se compose de quatre membres occupant différents rôles et possédant une expertise en développement d'applications informatiques :

- **Cheffe de Projet** : Responsable du bon déroulement du projet, ayant accès à toutes les informations nécessaires. Cette fonction est attribuée à Nivetha VIJAYATHARAN, qui assurera la supervision.
- **Développeurs** : Spécialisés en informatique, ils seront chargés de développer les différentes fonctionnalités de l'application. Les membres de cette équipe sont Sasha MASNIKOSA, Imad MEGHELLI, Ghiles YAHATENE ainsi que la cheffe de projet.

Présentation de la hiérarchie de membre de la conception :



2.2 - Acteurs Externes

Ces acteurs, bien qu'ils ne fassent pas partie directement de l'équipe, apportent une expertise spécialisée dans le domaine médical. Leur rôle est de superviser et fournir les informations nécessaires aux développeurs pour l'exécution de leurs tâches. Dans notre projet, les membres de l'équipe médicale de BIOTECH auront accès à certaines informations relatives au logiciel et seront responsables de sa cohérence par rapport aux exigences initiales, en fournissant des retours d'expérience.

IV- PHASES DE CONCEPTION

1 - Phase d'analyse

Pour notre projet de développement d'une application spécialisée dans la manipulation de séquences d'ADN, conçue spécifiquement pour le laboratoire BIOTECH, la phase d'analyse démarre dès l'expression des besoins. Son objectif est de produire une série de documents de conception cruciaux, comprenant :

- Un Dictionnaire d'Analyse
- Des Diagrammes de Cas d'Utilisation
- Des Diagrammes de Classes
- Des Diagrammes de Séquences

Nous nous engageons à respecter scrupuleusement les exigences. Cela implique notamment :

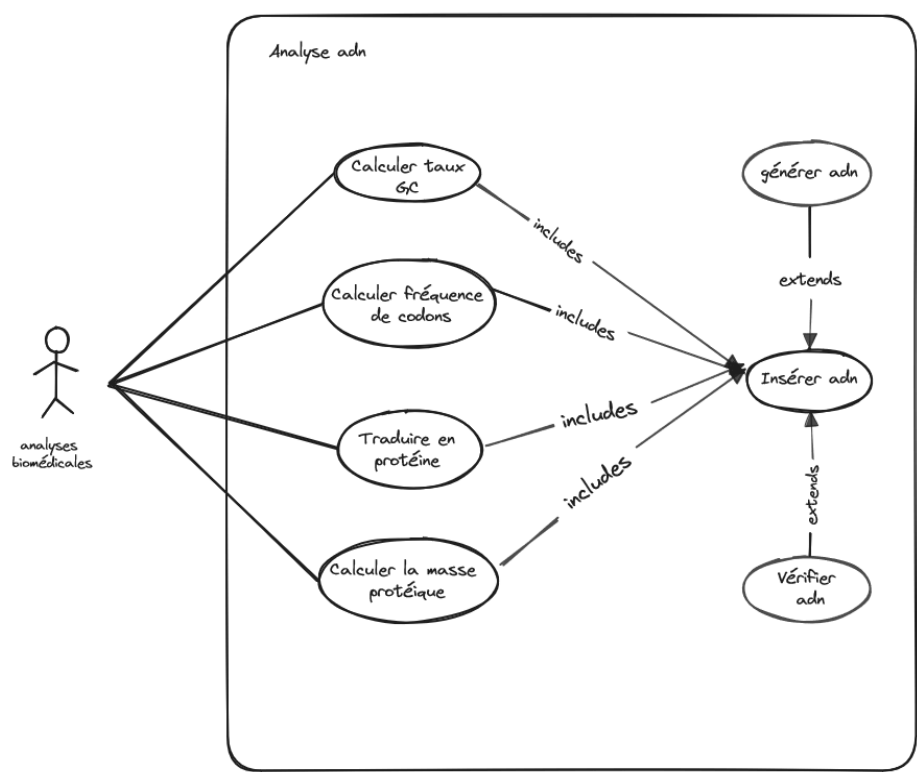
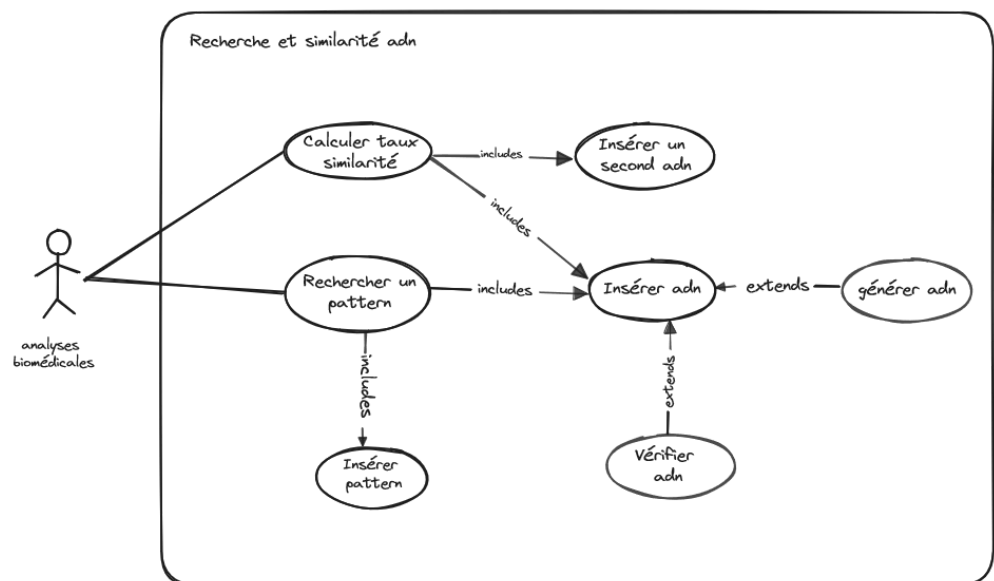
- Le respect du triangle d'or : budget, temps et cadrage.
- La validation des documents de conception et des interfaces utilisateurs.
- Le respect rigoureux de la nomenclature pour assurer un suivi et une traçabilité adéquats de la conception en utilisant des algorithmes rapides.
- La soumission d'un dossier détaillant le fonctionnement et l'architecture de l'application.

Il est crucial de souligner qu'à partir de cette phase, nous débuterons la spécification du cahier des charges pour notre projet. En ce qui concerne la structuration du projet, celui-ci sera divisé en plusieurs modules distincts. Cependant, la livraison finale respectera strictement les conditions définies dans l'appel d'offres, avec une répartition prévue de 90% pour la phase de conception et de réalisation, 10% pour la phase de clôture.

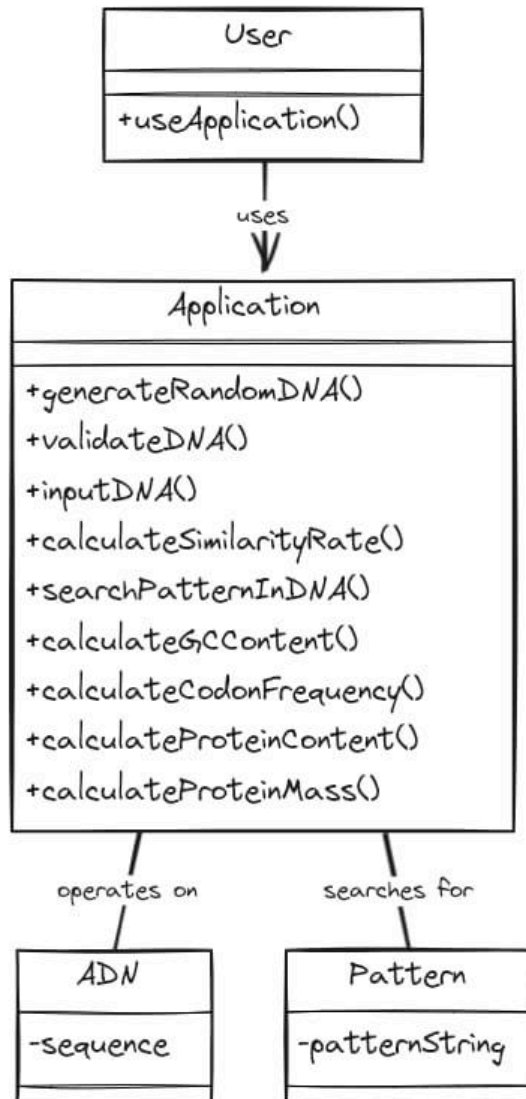
Ces modules comprendront :

- La gestion des utilisateurs,
- La gestion des projets,
- La gestion des ressources,
- La gestion des tâches,
- La gestion des coûts,
- La gestion de la base de données des risques.

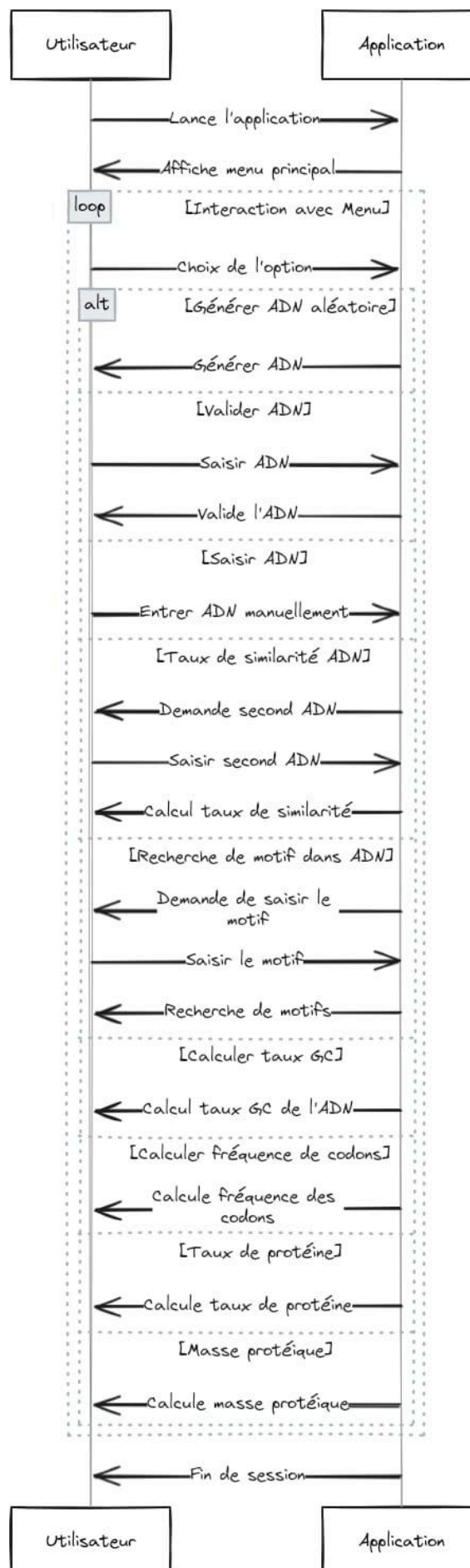
Les diagrammes de cas d'utilisations suivants vous donnerons un aperçu des fonctionnalités de chaque module:



Et voici le diagramme de classes global :



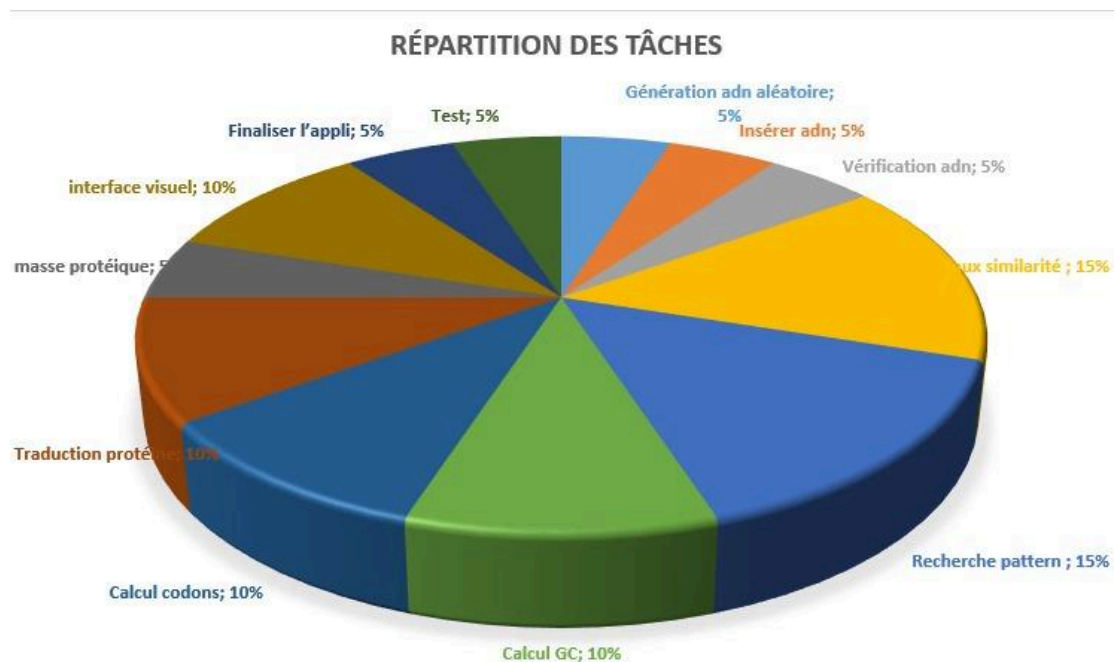
Et enfin, un exemple de diagramme de séquence (ce diagramme concerne l'authentification) :



2 - Répartition des ressources

La phase initiale du projet a été consacrée à l'analyse des besoins des utilisateurs et à l'établissement des spécifications fonctionnelles et techniques. Nous avons identifié les fonctionnalités essentielles de l'application, telles que la recherche de motifs, le calcul des taux de similarité, ainsi que la visualisation et la gestion des résultats. En parallèle, nous avons mené une recherche approfondie pour sélectionner les technologies et les outils les plus adaptés, en mettant l'accent sur les bibliothèques Python pour la bioinformatique et les frameworks web pour le développement de l'interface utilisateur.

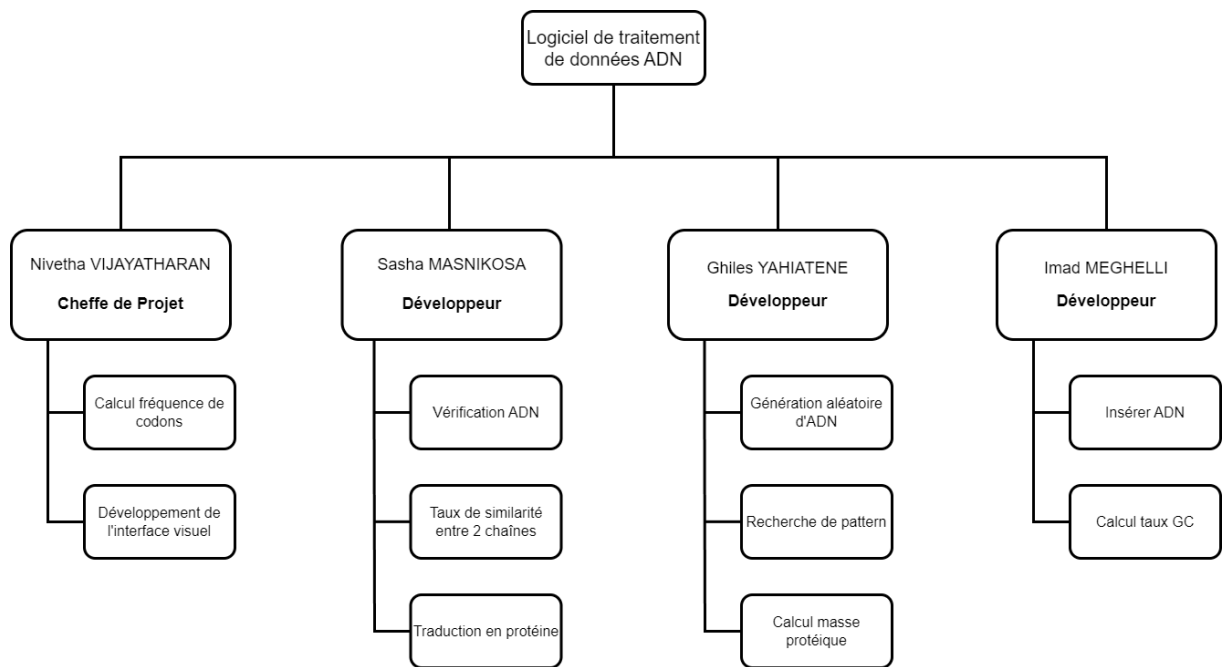
Le diagramme ci-dessous illustre la répartition du temps attribué à chacune des grandes étapes du projet. C'est une conclusion graphique résultant de notre gestion de projet, nous permettant d'identifier au premier coup d'œil les travaux chronophages et l'homogénéité entre les tâches.



3 - Répartition des tâches

3.1 - Organigramme des tâches du projet (WBS)

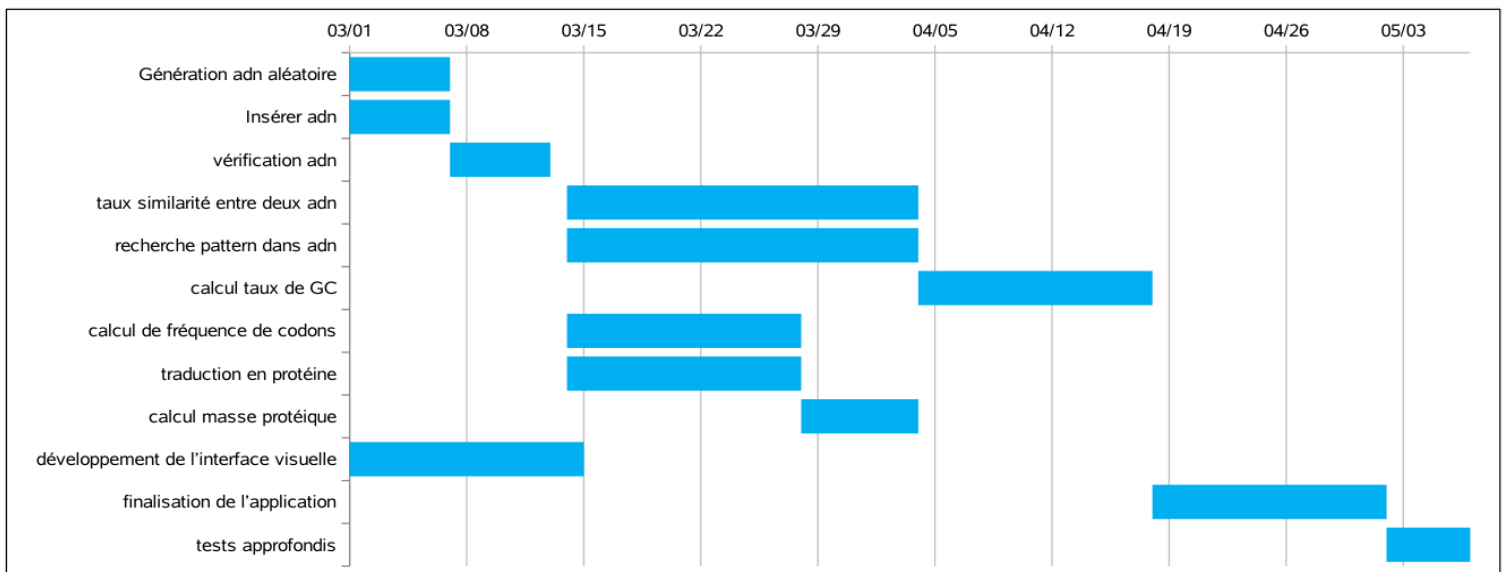
La répartition des tâches est représentée sous la forme d'une structure WBS (WBS pour "Work Breakdown Structure") de répartition du travail.



3.2 - Diagramme de Gantt

Le diagramme de Gantt est un outil visuel pour représenter les différentes tâches d'un projet, en illustrant leur séquence, leurs durées et leurs interdépendances. Il offre une vue d'ensemble du planning du projet, mettant en évidence les étapes essentielles et les tâches clés, permettant ainsi de gérer efficacement le calendrier et les ressources.

TÂCHE	NOM DE LA TÂCHE	RESPONSABLE	COMMENCER	FINIR	DURÉE en jours	STATUT	COMMENTAIRES
A	Génération adn aléatoire	Ghiles Yahiatene	01/03/2024	07/03/2024	6	En cours	
B	Insérer adn	Imad Meghelli	01/03/2024	07/03/2024	6	En cours	
C	vérification adn	Sasha Masnikosa	07/03/2024	13/03/2024	6	En cours	
D	taux similarité entre deux adn	Sasha Masnikosa	14/03/2024	04/04/2024	21	En cours	
E	recherche pattern dans adn	Ghiles Yahiatene	14/03/2024	04/04/2024	21	En cours	
F	calcul taux de GC	Imad Meghelli	04/04/2024	18/04/2024	14	En cours	
G	calcul de fréquence de codons	Nivetha Vijayatharan	14/03/2024	28/03/2024	14	En cours	
H	traduction en protéine	Sasha Masnikosa	14/03/2024	28/03/2024	14	En cours	
I	calcul masse protéique	Ghiles Yahiatene	28/03/2024	04/04/2024	7	En cours	
J	développement de l'interface visuelle	Nivetha Vijayatharan	01/03/2024	15/03/2024	14	En cours	
K	finalisation de l'application	Imad Meghelli	18/04/2024	02/05/2024	14	En cours	
L	tests approfondis	Nivetha Vijayatharan	02/05/2024	07/05/2024	5	En cours	



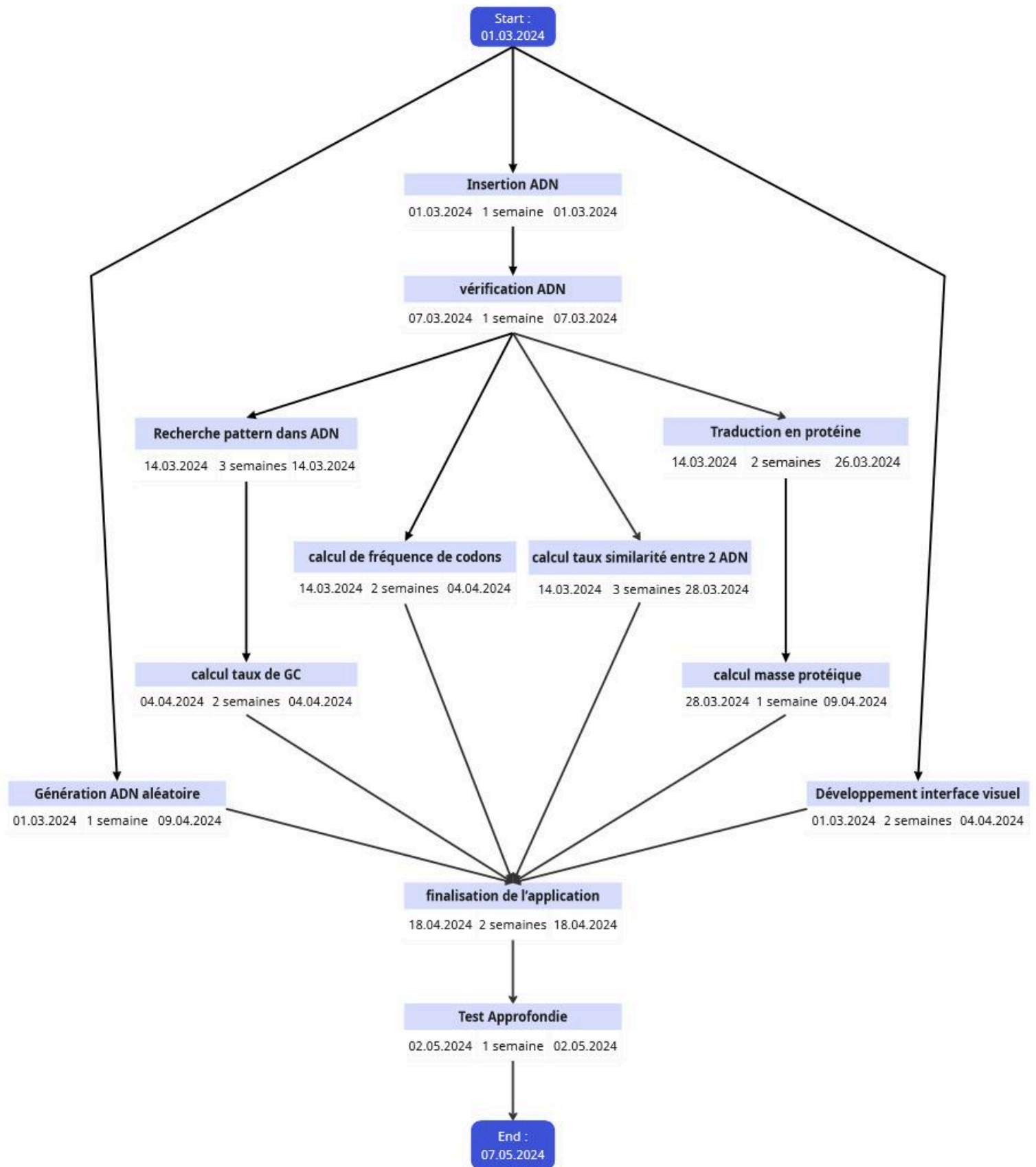
3.3 - Diagramme de Pert

Le diagramme de Pert (Program Evaluation Review Technique) peut être utilisé pour représenter graphiquement les différentes tâches du projet, en montrant leur séquence, leurs dépendances et les chemins critiques. Cela permettra de visualiser le flux de travail du projet et d'identifier les étapes clés ainsi que les tâches critiques qui pourraient affecter le calendrier global si elles prennent plus de temps que prévu.

Le tableau ci-dessous présente la liste des tâches avec les durées (en nombre de semaines) et les dépendances respectives:

Tâches	Durée	Dépendances
A - Génération adn aléatoire	1	—
B - Insérer adn	1	—
C - vérification adn	1	B
D - taux similarité entre deux adn	3	C
E - recherche pattern dans adn	3	C
F - calcul taux de GC	2	E
G - calcul de fréquence de codons	2	C
H - traduction en protéine	2	C
I - calcul masse protéique	1	H
J - développement de l'interface visuelle	2	—
K - finalisation de l'application	2	A, D, E, G, I, J
L - tests approfondis	1	K

Voici le diagramme de Pert associé :



4 - Phase de Codage

Au cours de la phase de codage, notre équipe s'est concentrée sur la création d'une interface graphique intuitive et conviviale, permettant aux utilisateurs de comprendre rapidement le mode d'utilisation de l'application. Nous avons utilisé des bibliothèques Python spécialisées dans le traitement de l'ADN, telles que Biopython, pour implémenter efficacement les fonctionnalités d'analyse. L'itération continue a été intégrée dans notre approche de développement, nous permettant de répondre de manière agile aux besoins changeants et aux retours des utilisateurs.

4.1 - Sécurité

En France, la législation concernant les données ADN est principalement encadrée par le Code de la santé publique, notamment par les dispositions relatives à la conservation et à l'utilisation des données biomédicales. Selon la loi française, les données ADN sont considérées comme des données biomédicales sensibles en raison de leur nature génétique unique et de leur potentiel pour révéler des informations personnelles et confidentielles sur un individu. Par conséquent, leur collecte, leur stockage et leur utilisation sont soumis à des réglementations strictes visant à protéger la vie privée et les droits des individus.

En ce qui concerne l'accès aux données ADN, la législation française établit des règles précises pour garantir leur confidentialité et leur sécurité. En général, l'accès aux données ADN est limité aux professionnels de santé et aux autorités compétentes, tels que les médecins, les chercheurs scientifiques et les organismes gouvernementaux, dans le cadre d'activités spécifiques telles que la recherche médicale, la médecine légale ou la lutte contre la criminalité. L'accès à ces données est strictement encadré et subordonné au respect des principes éthiques et des normes de sécurité en vigueur.

De plus, la législation française reconnaît le droit des individus à contrôler l'accès à leurs propres données ADN. Les personnes concernées ont le droit d'être informées de la collecte et de l'utilisation de leurs données ADN, ainsi que le droit de consentir ou de s'opposer à leur utilisation dans certaines circonstances. La confidentialité et la sécurité des données ADN sont donc des préoccupations majeures dans le cadre de la législation française, visant à garantir le respect des droits fondamentaux des individus tout en permettant une utilisation appropriée et éthique de ces données à des fins légitimes.

4.2 - Critères d'évaluation de sécurité

Nous nous trouvons devant quatre enjeux majeurs qui exigent une attention particulière :

1. Confidentialité : Il est crucial que seules les personnes autorisées aient accès aux données et au logiciel. Cela nécessite la mise en place de mesures de sécurité robustes, telles que des protocoles d'authentification et de cryptage, pour prévenir tout accès non autorisé ou toute fuite de données sensibles.

2. Intégrité : La préservation de l'intégrité des données ADN est essentielle pour garantir leur fiabilité et leur utilité. Tout changement ou altération non autorisé pourrait compromettre la précision et la validité des informations génétiques. Des contrôles stricts doivent être mis en place pour empêcher toute modification indésirable des données, en utilisant notamment des techniques de vérification et de surveillance continues.

3. Disponibilité : Assurer que les données sont accessibles aux utilisateurs légitimes lorsque nécessaire est un aspect crucial de la gestion des données génétiques. Cela implique la mise en place d'une infrastructure robuste et évolutive, capable de gérer efficacement le flux de données et de répondre aux demandes d'accès dans des délais raisonnables. Des sauvegardes régulières et des plans de continuité des activités sont également nécessaires pour minimiser les interruptions de service et garantir une disponibilité maximale.

4. Authenticité : La vérification de l'identité de la source d'une action est fondamentale pour établir la confiance dans les données génétiques et les résultats associés. Cela implique la mise en place de mécanismes d'authentification robustes pour garantir que les utilisateurs sont bien qui ils prétendent être et que les actions qu'ils entreprennent sont légitimes. Des techniques telles que la biométrie, les certificats numériques et les journaux d'audit peuvent être utilisées pour renforcer l'authenticité des transactions et des interactions avec les données génétiques.

5 - Phase des Tests Unitaires

Les tests unitaires ont joué un rôle crucial dans la garantie de la qualité du code. Nous avons mis en place des suites de tests exhaustifs pour chaque composant logiciel, en veillant à ce que chaque fonctionnalité soit testée de manière isolée et conforme aux spécifications. L'expertise d'un consultant externe spécialisé en bioinformatique a été sollicitée pour superviser et améliorer la qualité des tests, assurant ainsi le bon fonctionnement de chaque algorithme d'analyse.

6 - Phase des Tests d'Intégration

Dans la phase des tests d'intégration, nous avons évalué le comportement global de l'application en simulant des cas d'utilisation réels. Nous avons vérifié la cohérence et la compatibilité des différents modules, ainsi que leur interaction avec l'interface utilisateur. Les résultats des tests ont été concluants, démontrant la robustesse et la performance de l'application dans des conditions réelles d'utilisation.

V- PHASES DE RÉALISATION

Notre client, BIOTECH, a les autorisations nécessaires pour l'accès à des données ADN, et nous garantissent que seul leurs employés pourront utiliser les machines avec notre logiciel, leur système de sécurité permet aussi de connaître les actions de chaque utilisateur, donc nous ne sommes pas en charge de cet aspect de la sécurité. En ce qui concerne l'intégrité des données, notre logiciel n'a que les droits de lecture sur les fichiers auxquels il accède.

Project Deliverable or Activity	R Responsable				A Assistant						
	Nivetha Vijayatharan	Ghiles Yahiatene	Sasha Manikosa	Imad Meghelli	Date de début	Date de fin	Nombre de jours	Date de début	Date de fin	Temps passé - jours	Statut
	Project Leadership				Date prévisionnelle			Date de mise en oeuvre			
GÉNÉRATION ADN ALÉATOIRE	A	R			01.03.2024	07.03.2024	6	01.03.2024	03.03.2024	2	En avance
INSÉRER ADN			A	R	01.03.2024	07.03.2024	6	01.03.2024	04.03.2024	3	En avance
VÉRIFICATION ADN			R	A	07.03.2024	13.03.2024	6	04.03.2024	11.03.2024	7	En avance
TAUX SIMILARITÉ ENTRE DEUX CHAÎNES ADN		A	R		14.03.2024	04.04.2024	21	14.03.2024	28.03.2024	14	En avance
RECHERCHE PATTERN DANS ADN		R	A		14.03.2024	04.04.2024	21	12.03.2024	19.03.2024	7	En avance
CALCUL TAUX DE GC	A			R	04.04.2024	18.04.2024	14	20.03.2024	23.03.2024	3	En avance
CALCUL DE FRÉQUENCE DE CODONS	R			A	14.03.2024	28.03.2024	14	16.03.2024	26.03.2024	10	En avance
TRADUCTION EN PROTÉINE		A	R		14.03.2024	28.03.2024	14	23.03.2024	02.04.2024	10	En retard
CALCUL MASSE PROTÉIQUE		R	A		28.03.2024	04.04.2024	7	03.04.2024	17.04.2024	14	En retard
DÉVELOPPEMENT DE L'INTERFACE VISUELLE	R			A	01.03.2024	15.03.2024	14	01.03.2024	15.03.2024	14	Dans les temps
FINALISATION DE L'APPLICATION	A	A	A	R	18.04.2024	02.05.2024	14	18.04.2024	27.04.2024	9	En avance
TESTS APPROFONDIS	R	A	A	A	02.05.2024	07.05.2024	5	28.04.2024	05.05.2024	7	En avance

Matrice des dépendances des différentes phases

1 - Coordination et Contrôle Rigoureux

Développement de la section :

Dans notre projet de développement d'une application de manipulation de séquences d'ADN, nous avons adopté la méthode Scrum, une approche de gestion de projet qui nous aide à rester flexibles et réactifs face aux changements. Cette méthode s'est avérée particulièrement efficace pour assurer une bonne coordination et un contrôle continu du projet.

Réunions Régulières de l'Équipe :

Nous organisons des réunions régulières, toutes les deux à quatre semaines, appelées révisions de sprint. Ces réunions permettent à l'équipe de montrer ce qu'elle a accompli et de discuter de ce qui pourrait être amélioré. C'est aussi un moment où nous pouvons ajuster nos plans en fonction des retours et des nouvelles idées. Cela nous aide à rester alignés sur les objectifs du projet et à veiller à ce que tout le monde soit sur la même page.

Planification et Estimation des Tâches :

Au début de chaque période de travail, nous prenons un moment pour planifier et estimer l'effort nécessaire pour réaliser les tâches à venir. Nous utilisons une approche collaborative, où chaque membre de l'équipe donne son avis sur le temps et les ressources nécessaires. Cela nous aide à répartir le travail de manière équitable et à nous assurer que personne n'est surchargé.

Communication Quotidienne :

Chaque jour, l'équipe prend quelques minutes pour se mettre à jour sur l'avancement du projet. Ces courts échanges quotidiens sont essentiels pour résoudre rapidement les petits problèmes avant qu'ils ne deviennent de gros obstacles. Ils permettent également de s'assurer que tout le monde sait ce qui est attendu pour la journée et peut travailler efficacement.

Gestion des Changements et des Retards :

Notre approche nous permet d'être très réactifs face aux imprévus. Si nous constatons que quelque chose ne se passe pas comme prévu, nous pouvons rapidement ajuster nos plans. Cela peut impliquer de redistribuer certaines tâches ou de revoir nos objectifs à court terme pour nous assurer que le projet continue de progresser de manière fluide.

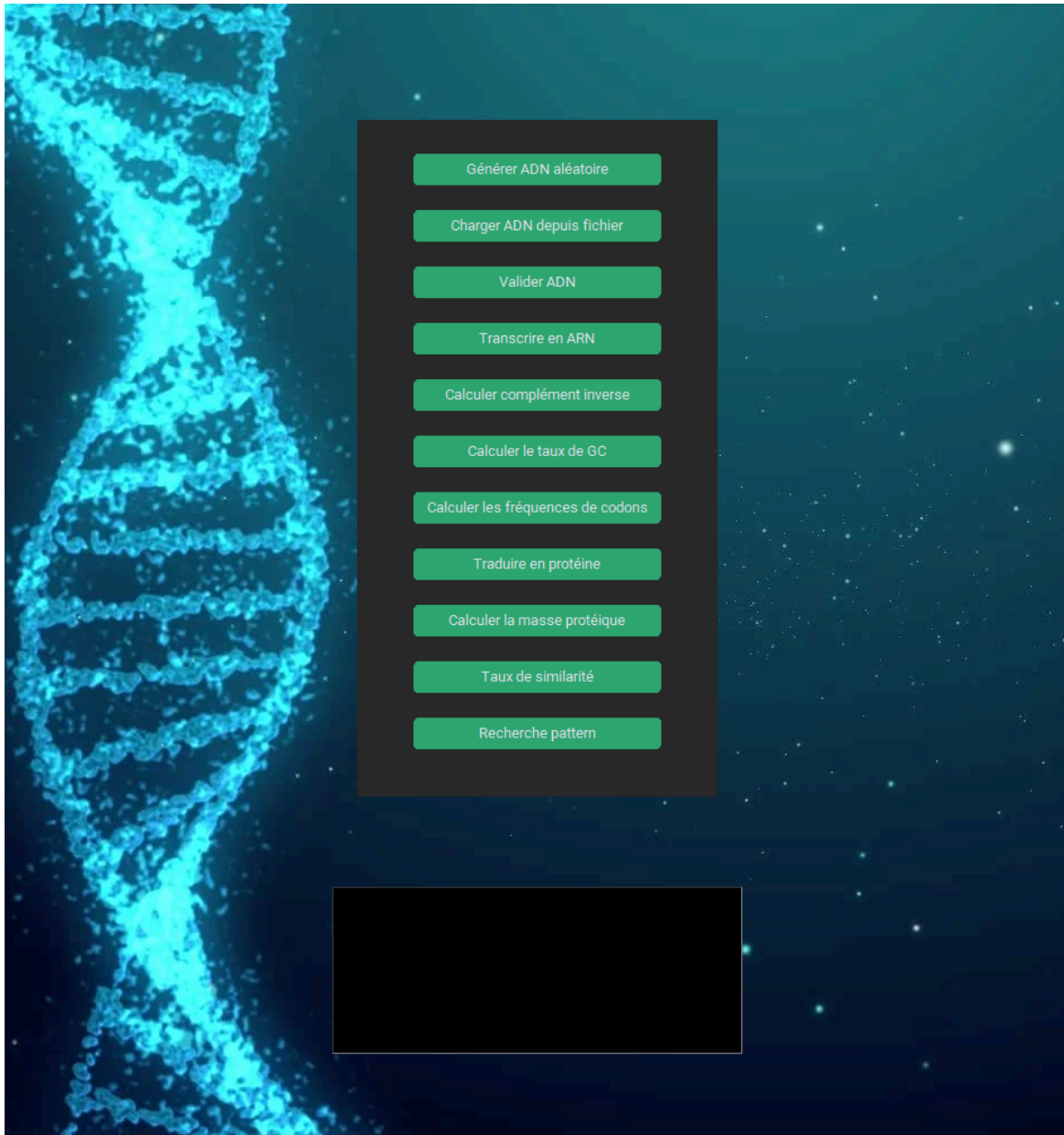
L'analyse des dérives a révélé que deux tâches étaient en retard, ce qui était attribuable à une erreur de distribution des tâches. En effet, une personne s'était retrouvée avec deux tâches simultanées, compromettant ainsi le respect des délais. Cette situation a été rapidement corrigée en ré-allouant les tâches de manière équilibrée, ce qui a permis de rétablir la cadence initiale du projet.

Suivi de l'Avancement et du Budget :

Pour suivre notre progrès et contrôler notre budget, nous utilisons des graphiques simples qui montrent la quantité de travail accompli par rapport à ce qui était prévu. Ces outils visuels nous aident à voir rapidement si nous sommes en retard ou si nous avons utilisé plus de ressources que prévu, ce qui nous permet de prendre des décisions éclairées pour rester dans les limites de notre budget.

2 - Interface graphique de l'application :

Dans cette application, il existe 11 fonctionnalités dont voici l'affichage de l'interface graphique :



3 - Fonctionnalités d'insertion d'adn :

- La génération aléatoire de séquences ADN permet la création de séquences d'ADN aléatoires, utiles pour des tests d'algorithmes ou des simulations, ainsi que dans des modélisations nécessitant des séquences aléatoires.
- Le chargement de séquences ADN depuis des fichiers externes simplifie l'intégration de données provenant de diverses sources, comme des bases de données ou des résultats d'expériences, dans des systèmes ou des applications.
- La validation des séquences ADN vérifie leur conformité à la structure de l'ADN, garantissant ainsi la fiabilité des données utilisées dans les analyses ou les expériences scientifiques.

ADN généré: AATAATCGACAGCTCAAGGACTC
CTTCTAGCCCCAACAATGTCTTGAATACTCAAG
GCGGCCTTCAGTCGTGTAAAAATGGTCCTCAG
TGAGTGCACGGGAACAAGTTTCTTACCGCGTGG
CAAAACAGCTACCCAAGGCTAAACACCAGGA
ATGCATCAAATATCTCTATCCGTACTTGGTAGT
CACGAGAACTGAACGACTGCAACGGGAACCGA
CAGATTTTCACAACAGTAATCTGTGACTGTAGT

Ouvrir

Ce PC > Bureau > ADN

Rechercher dans : ADN

Organiser Nouveau dossier

Nom

Modifié le

Type

adn.txt 28/04/2024 10:15 Fichier TXT

Nom du fichier : adn.txt

Ouvrir Annuler

Validation

La séquence ADN est valide.

OK

ou

Validation

La séquence ADN est invalide.

OK

4 - Fonctionnalités de manipulations de l'adn :

- Transcription : Convertit les séquences d'ADN en ARN messager (ARNm), facilitant ainsi la compréhension des processus de synthèse protéique.
- Calcul du Complément Inverse : Détermine la séquence complémentaire inverse d'une séquence d'ADN, ouvrant ainsi la voie à diverses analyses et applications, telles que la conception de sondes d'hybridation et la recherche de motifs génomiques.
- Traduction : Convertit les séquences d'ADN en séquences protéiques, permettant ainsi de prédire la structure et la fonction des protéines à partir de leur séquence génétique.

Général

- Générer ADN aléatoire
- Charger ADN depuis fichier
- Valider ADN
- Transcrire en ARN
- Calculer complément inverse
- Calculer le taux de GC
- Calculer les fréquences de codons
- Traduire en protéine
- Calculer la masse protéique
- Taux de similarité
- Recherche pattern

ADN généré: AATAATCGACAGCTCAAGGACTC
CTTCTAGCCCCAACAATGTCTTGAATACTCAAG
GCGGCCTTCAGTCGTGTAAAAATGGTCCTCAG
TGAGTGCACGGAACAAGTTTCTTACCGCGTGG
CAAAACAGCTACCCAAGGCTAAACACCAGGA
ATGCATCAAATATCTCTATCCGTACTTGGTAGT
CACGAGAACTGAACGACTGCAACGGAACCGA
CAGATTTTCACAACAGTAATCTGTGACTGTAGT

ARN transcrit: AAUAAUCGACAGCUCAAGGACU
CCUUCUAGCCCCAACAAUGUCUUGAAUACUC
AAGGCGGCCUUCAGUCGUGUAAAAAUGGUCC
UCAGUGAGUGCACGGAACAAGUUUCUUACCG
CGUGGC AAAACAGCUACCCAAGGCUAAACAC
CAGGAAUGCAUCAAUAUCUCUAUCCGUACU
UGGUAGUCACGAGAACUGAACGACUGCAACG
GAACCGACAGAUUUUCACAACAGUAAUCUGU

Complément inverse: AGTAAGCTTGTA AAAAACC
CATTGGACAATGTGGGGATGTTGACACAAGGC
TGTGGGTGTGTCGCCAAACGAGATAAGAGTCA
GGGGTTCGACAAAGGAATTCCCAATATAAGGC
TGATCCTCATCGTTATCCCCACAAACCACGAT
GGAGTGTAGTGGATAGCTTGCAGTCTAACCTG
CCTCTATTTGACCCAACTGATCGTTTGAGGCTT
TTAGTCGCACAGTGCCCTTTCAAAGTATTAGAA

Protéine traduite: -- Arginine Glutamine - Lysine As
partic acid --- Proline Glutamine Glutamine -- Gluta
mic acid -- Arginine Arginine ----- Lysine ----- Al
anine Arginine Asparagine Lysine -- Threonine Alan
ine - Glutamine Asparagine Serine - Proline Arginin
e - Asparagine Threonine Arginine - Alanine -----
----- Arginine Glutamic acid - Asparagine Aspartic
acid - Asparagine Glycine Threonine Aspartic acid

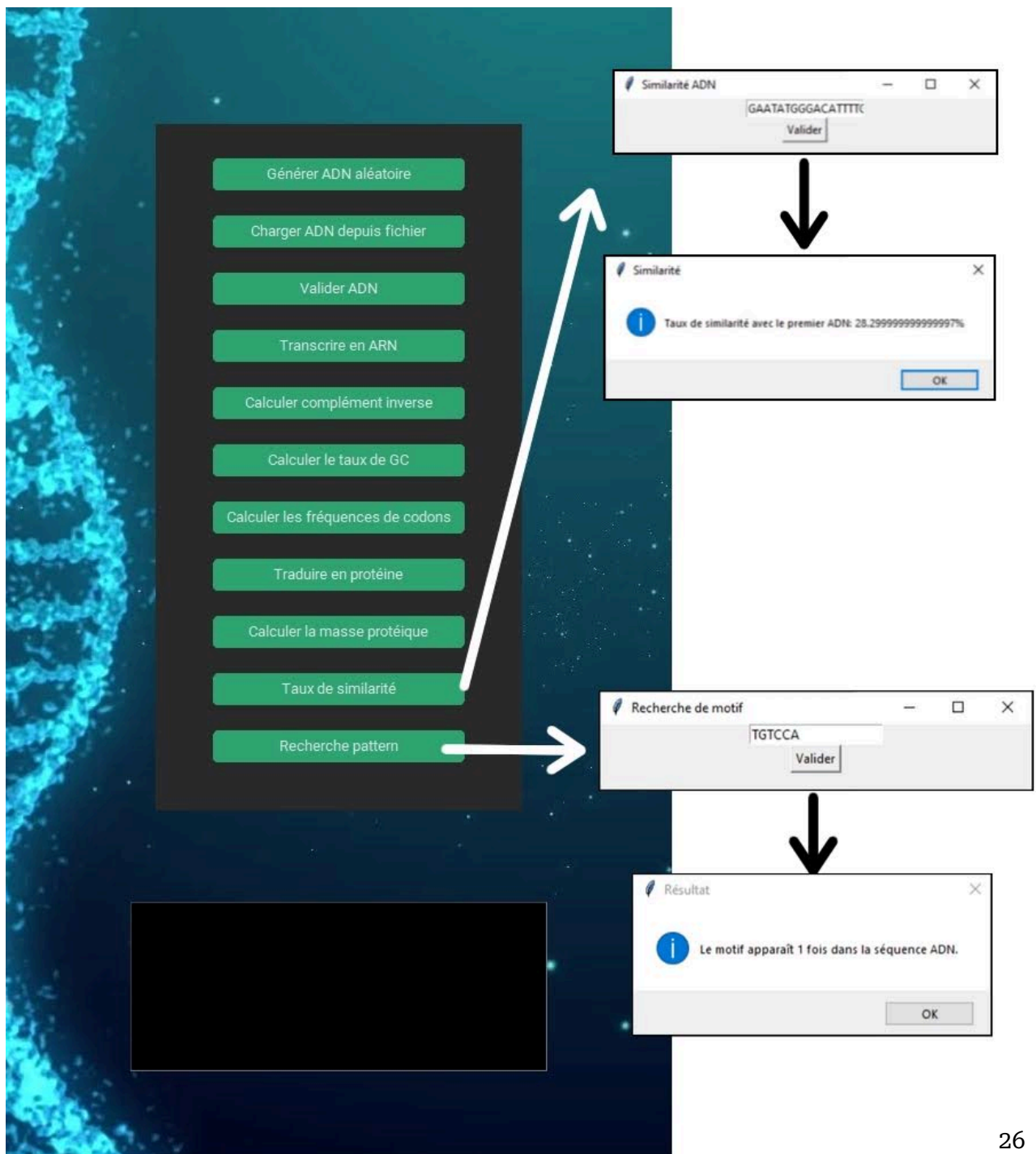
5 - Fonctionnalités d'analyse adn :

- Calcul du Taux de GC : Détermine la proportion de paires de bases guanine-cytosine (GC) par rapport au nombre total de paires de bases, fournissant ainsi des informations sur la stabilité et la structure des séquences d'ADN.
- Calcul des Fréquences des Nucléotides : Analyse la distribution des quatre bases nucléotidiques (adénine, thymine, cytosine et guanine) dans une séquence d'ADN, permettant ainsi de détecter des motifs spécifiques ou des régions codantes.
- Calcul de la Masse Protéique : Estime la masse protéique à partir de la séquence d'ADN en traduisant la séquence en séquence d'acides aminés et en calculant ensuite la masse molaire de la protéine correspondante, ce qui peut être utile pour comprendre la structure et la fonction des protéines codées par l'ADN.



6 - Fonctionnalités de manipulation et analyse de l'adn :

- Le calcul du taux de similarité compare deux séquences d'ADN pour mesurer leur degré de similitude, offrant ainsi des indications sur leur relation évolutive ou fonctionnelle. Cette fonctionnalité est essentielle pour les analyses comparatives et la compréhension des relations entre différentes séquences génétiques.
- La recherche de motifs dans les séquences d'ADN analyse la présence de motifs spécifiques ou de patterns, facilitant ainsi la découverte de séquences conservées ou de sites de liaison pour des protéines régulatrices. Cette fonctionnalité est précieuse pour l'identification de séquences fonctionnelles ou la prédiction de la structure et de la fonction des gènes.



VI - PHASE DE CLÔTURE

Nous avons créé un formulaire Google Forms :

Questionnaire de satisfaction client

Merci d'avoir choisi notre équipe pour la conception de votre logiciel de manipulation et analyse de données ADN. Votre avis est précieux pour nous aider à améliorer nos services. Veuillez prendre quelques minutes pour répondre à ce questionnaire.

[Connectez-vous à Google](#) pour enregistrer votre progression. [En savoir plus](#)

* Indique une question obligatoire

Comment évalueriez-vous la facilité d'utilisation du logiciel ? *

- ☒ Très facile
- ☐ Facile
- ☐ Moyenne
- ☐ Difficile
- ☐ Très difficile

Comment évalueriez-vous l'efficacité du logiciel dans la manipulation et l'analyse des données ADN ? *

- ☐ Très efficace
- ☒ Efficace
- ☐ Moyennement efficace
- ☐ Inefficace
- ☐ Très inefficace

Comment évalueriez-vous la convivialité de l'interface utilisateur du logiciel ? *

- ☐ Très conviviale
- ☒ Conviviale
- ☐ Moyenne
- ☐ Peu conviviale
- ☐ Très peu conviviale

Quelles fonctionnalités avez-vous trouvées les plus utiles dans le logiciel ? *

Recherche de motif dans ADN

Quelles fonctionnalités avez-vous jugées moins utiles dans le logiciel ?

Générer ADN aléatoire

Avez-vous eu une bonne expérience dans vos interactions avec notre équipe ? *

Excellente

Comment évalueriez-vous la performance globale du logiciel ? *

- ☐ Très performant
- ☒ Performant
- ☐ Moyen
- ☐ Lent
- ☐ Inutilisable

Recommanderiez-vous notre équipe à d'autres chercheurs ou professionnels du domaine ? *

- ☒ Oui
- ☐ Non

Avez-vous des suggestions d'amélioration pour notre logiciel ou nos services ?

Votre réponse

Si vous avez d'autres commentaires ou suggestions, veuillez les partager ici.

Votre réponse

Merci d'avoir pris le temps de remplir ce questionnaire. Vos commentaires sont essentiels pour nous aider à améliorer notre produit et à mieux répondre à vos besoins.

Envoyer

Effacer le formulaire

N'envoyez jamais de mots de passe via Google Forms.

Ce contenu n'est ni rédigé, ni cautionné par Google. [Signaler un cas d'utilisation abusive](#) - [Conditions d'utilisation](#) - [Règles de confidentialité](#)

Google Forms

Annexe :

Pour les diagrammes :

<https://www.miro.com> (pour le Diagramme de Pert)

<https://www.smartsheet.com/content/agile-gantt> (pour le Diagramme de Gantt)

<https://excalidraw.com> (pour les Diagrammes de Classes et de Séquences)

<https://draw.io> (pour divers diagrammes)

Pour le budget :

<https://openclassrooms.com/fr/courses/4296701-gerez-un-projet-digital-avec-une-methodologie-en-cascade/4308336-budgetisez-votre-projet>

<https://www.abcportage.fr/portage-salarial/simulation-revenus/tjm/tjm-chef-de-projet-informatique/>