

# RECHERCHE DE MOTIFS RÉPÉTÉS DANS UN GÉNOME

## *Auteurs :*

- Leo PERARD
- Salla DIAGNE

## Listing des fichiers et répertoires du projet

- *donnees/*: contient des fichiers de tests au format FASTA
- *src/*: contient les fichiers JAVA du projet
- *test/*: contient les tests unitaires concernant le projet
- *strand\_searching.jar*: jar contenant le programme principal

## Fonctionnement du programme

```
USAGE : java -jar strand_searching.jar filename [strand|N] [-comp|-rev|-revComp]* [-bf|-so|-kr|-kmp|-bm]*
filename : le nom du fichier fasta ou se trouve le genome a etudier
[strand|N] : permet de rechercher soit :
    * strand : une sequence dont les occurences seront recherchees dans le genome
    * N : rechercher les occurences des mots de taille N
[-comp|-rev|-revComp] : permettent de rechercher egalement pour le mot entre ou les occurences des mots de taille N :
    * comp : le complementaire
    * rev : le reverse
    * revComp : le reverse-complementaire
[-bf|-so|-kr|-kmp|-bm] : permet de spécifier le ou les algos a rechercher parmi :
    * bf : Brute-force
    * so : Shift-Or
    * kr : Karp-Rabin
    * kmp : Knutt-Morris-Pratt
    * bm : Boyer-Moore
EXEMPLE : java -jar strand_searching.jar donnees/simple.fasta TATA -revComp -comp -rev -kr -bf -so -bm -kmp
```