

Rapport de stage

Publication du package crisprbuilder_tb

Stephane Robin sous la direction de Christophe Guyeux et Jean-Claude Charr

27 juin 2020

Remerciements

Je tiens à exprimer mes plus sincères remerciements à Messieurs Christophe Guyeux et Jean-Claude Charr, professeurs à l'université de Franche Comté pour m'avoir guidé, conseillé et soutenu durant le déroulement de ce stage. Leurs explications et leur disponibilité malgré un emploi du temps chargé ont largement contribué à ma compréhension du sujet.

Je voudrais également souligner la patience dont ils ont fait preuve pour m'expliquer les notions de bioinformatique que j'ai été amené à découvrir durant ce projet. Il en ressort que j'ai particulièrement apprécié de travailler sous leur direction.

Table des matières

1. Présentation du projet	5
2. La notion de package	5
1 Etat de l'art	6
1. Evolution de la branche humaine de la tuberculose	6
1.1. Diversité génétique de la tuberculose	6
1.2. Co-évolution de la tuberculose avec l'homme moderne	7
2. Le développement de souches résistantes aux antibiotiques	9
2.1. L'expansion de la lignée 4 de <i>M. tuberculosis</i>	9
2.2. L'adaptation de la lignée 4 pour devenir résistante aux antibiotiques	10
3. Le locus CRISPR-Cas	12
3.1. Quelques caractéristiques du génome de <i>M. tuberculosis</i>	12
3.2. Description du locus CRISPR-Cas	12
3.3. Fonctionnement du système CRISPR-Cas	13
4. Le spoligotypage	13
4.1. Vers une normalisation des spoligotypes	15
4.2. Quel outil informatique pour le spoligotypage ?	16
4.3. Comparaison de spoligotypes	19
2 Le choix des outils	21
1. L'environnement de développement	21
2. Composition d'un package standard	23
2.1. Quelle licence choisir ?	24
2.2. Choix de l'outil d'emballage	25
3. Poetry	26
3.1. Création du package et gestion des dépendances	26
3.2. Construction du package et publication	27
3.3. Installation du package	29
4. Description détaillée du package	29
4.1. La structure du package construit par Poetry	29
4.2. Fonctionnement du package <code>crisprbuilder_tb</code>	30
5. Description du package avec le fichier <code>crisprbuilder_tb.md</code>	30
3 Comprendre le fonctionnement d'un package	31
4 Les tests du package	32
1. Les problèmes liés aux chemins d'accès	32
2. Améliorer le code avec pylint	32
5 Amélioration des performances	33

1. Les principaux éléments du code 34

Préambule

1. PRÉSENTATION DU PROJET

Dans le cadre d'un travail de recherche en bio-informatique, Christophe Guyeux, Jean-Claude Charr, ... ont créé du code "brut" leur permettant d'afficher et de stocker des données relatives à une *SRA Sequence Read Archive* particulière. Ce code doit être rassemblé, réorganisé, nettoyé pour être conforme aux critères PEP. Il doit être rendu fonctionnel puis plus efficace si possible. Il doit s'exécuter en utilisant un *CLI Command Line Interface*, et doit finalement être empaqueté pour qu'un utilisateur puisse l'utiliser quelque soit sa plateforme (Linux, MacOS ou Windows) une fois installé. Pour cela, il est nécessaire de publier ce package sur PyPI et de le documenter clairement en anglais pour en faciliter l'utilisation.

Notons qu'à terme, l'objectif du package sera de proposer une reconstitution du *CRISPR*.

Lorsque nous avons défini les objectifs du stage, il est immédiatement ressorti l'importance de lui donner un caractère pratique, qui pourrait éventuellement être transposable dans le milieu professionnel. La reconstruction du programme à partir d'éléments de code, la nécessité de créer localement un environnement spécifique de travail et d'installer automatiquement cet environnement sur les ordinateurs des utilisateurs, la possibilité de faire fonctionner le package sur différentes plateformes, les différents tests effectués, la création et publication du package sont autant de compétences pratiques utiles, auxquelles il faut se confronter pour bien en comprendre les difficultés. Par ailleurs, la construction de ce package a nécessité de comprendre le fonctionnement de termes clés en bio-informatique afin de pouvoir travailler dans ce cadre métier particulier. Ceci a conduit à une synthèse de l'état de l'art fortement orientée vers la biologie et plus particulièrement le *CRISPR*.

2. LA NOTION DE PACKAGE

Définissons tout d'abord le vocabulaire que nous allons utiliser dans ce rapport de stage :

- module : un fichier contenant du code Python,
- package : un répertoire contenant des modules Python,
- distribution : une archive de modules ou packages (au format tar, whl, ...)

Chapitre 1

Etat de l'art

1. EVOLUTION DE LA BRANCHE HUMAINE DE LA TUBERCULOSE

1.1. Diversité génétique de la tuberculose

Une bactérie survit d'autant mieux qu'elle est capable de s'adapter à son environnement au travers de mutations génétiques. Le polymorphisme génétique est à l'origine de la diversité génétique et correspond, dans le cas de notre étude, à des variations de séquences d'ADN entre différentes souches de *M. tuberculosis*. Ces variations sont dues à des mutations successives au cours de l'évolution de la bactérie, et elles permettent l'analyse phylogénique de *M. tuberculosis*. Il existe plusieurs formes de polymorphisme, le polymorphisme chromosomique lié à un changement du nombre de chromosomes ou de leurs structures, le polymorphisme d'insertion, de délétion et d'inversion qui provoquent un changement spécifique de certaines séquences du génome, et le polymorphisme nucléotidique SNP *Single Nucleotide Polymorphism* lié au changement d'une seule paire de bases¹ du génome de *M. tuberculosis*. Nous allons détailler plus particulièrement ce dernier cas.

Certaines mutations n'ont aucun impact évolutif sur *M. tuberculosis*. En revanche, des changements fonctionnels peuvent avoir lieu lorsque ces mutations entraînent des modifications d'acides aminés dans les régions codantes, cela peut-être le cas lors d'une adaptation à l'environnement ou lors d'une nouvelle forme de résistance aux antibiotiques. Les SNPs synonymes ne changent pas la séquence de protéine, ainsi la substitution d'un codon² par un autre codon peut engendrer le même acide aminé. Au contraire, les SNPs non-synonymes changent la séquence de protéine, et engendrent donc l'incorporation d'un acide aminé différent. Chez *M. tuberculosis*, les SNPs sont peu sujets à des phénomènes d'homoplasie³ (seuls 1,1 % des SNPs sont homoplasiques), ce qui suggère que la structure de *M. tuberculosis* favorise les clonages plutôt que les recombinaisons entre branches. Pour de tels organismes clonaux, l'identification de mutations homoplasiques est un excellent moyen de déterminer les différentes souches bactériennes, et ainsi de procéder à des études phylogéniques⁴ et de classification.

1. **Paire de bases** : appariement de 2 bases nucléiques situées sur 2 brins complémentaires d'ADN, reliées par des ponts d'hydrogène.

2. **Codon** : ensemble composé de trois nucléotides consécutifs spécifiant l'incorporation d'un acide aminé déterminé. Le code génétique est ainsi lu trois nucléotides par trois nucléotides.

3. **Homoplasie** : similitude de caractères chez différentes espèces, qui ne provient pas d'un ancêtre commun, mais peut par exemple provenir d'une adaptation à l'environnement. Diffère de l'homologie qui est une similitude de caractères observée chez deux espèces différentes, provenant de l'héritage d'un ancêtre commun.

4. **Phylogénie** : étude des liens entre espèces apparentées, permettant de retracer les principales étapes de l'évolution des organismes depuis un ancêtre commun.

1.2. Co-évolution de la tuberculose avec l'homme moderne

Le développement des maladies s'adapte à la densité de population concernée. En effet, auprès d'une foule dense, les infections se répandent plus largement et deviennent plus virulentes, alors qu'auprès d'une population moins importante, elles ont une croissance plus faible, laissant parfois place à des périodes où les infections restent latentes.

Une période charnière dans l'histoire de l'humanité est la transition démographique du Néolithique, qui a vu il y a 10 000 ans, suite à l'apparition de l'agriculture et de l'élevage, un accroissement de la population, favorisant la naissance de nombreuses maladies. Les maladies humaines plus anciennes se développaient auprès de populations moins denses et produisaient des phases chroniques de latence et de réactivation permettant aux populations infectées de survivre.

Nous allons voir que la tuberculose conjugue ces deux modèles de maladie.

L'étude phylogénique de Comas et al.[1] se base exclusivement sur l'étude du génome⁵ complet de toutes les lignées connues de *M. tuberculosis* en utilisant les SNPs comme marqueurs pour construire les relations entre les différentes branches. Les résultats obtenus rejoignent de précédentes études effectuées à partir d'autres marqueurs, et confirment l'existence de sept principales lignées de tuberculose. On remarque en particulier que plusieurs branches d'origine animale se sont regroupées avec la lignée 6 d'Afrique de l'Ouest, et que les lignées modernes 2 d'Asie de l'Est, 3 d'Asie Centrale et 4 d'Europe ont des origines proches.

L'analyse phylogénique de Comas et al. corrobore la conjecture selon laquelle la tuberculose est originaire d'Afrique. Par ailleurs, s'appuyant sur les origines africaines de l'espèce humaine, cette étude cherche également à déterminer l'ancienneté de l'association entre la tuberculose et son hôte humain. Pour cela, l'analyse des divergences des génomes de la tuberculose est comparée à celle d'une arborescence génétique déjà établie à partir de mitochondries⁶ de l'être humain.

Les similitudes relevées montrent que la tuberculose a infecté les premiers hommes d'Afrique. Pour aller plus loin, l'étude de Comas et al. a tenu compte de trois dates importantes dans l'évolution biologique de l'être humain qui ont été reportées sur l'analyse phylogénique de *M. tuberculosis* des lignées 5 et 6 d'Afrique de l'Ouest : l'émergence de l'homo sapiens correspondant au MTBC-185⁷, l'émergence de l'haplogroupe⁸ mitochondrial de la lignée 3 chez l'homme correspondant au MTBC-70, et le début de la transition démographique du Néolithique correspondant au MTBC-10.

La branche MTBC-185 suggère l'apparition de mutations à partir de lignées africaines il y a 174 000 ans, c'est à dire que la dispersion de la tuberculose précéderait celle de l'homo sapiens.

La branche MTBC-70 révèle des corrélations avec l'histoire de l'humanité telle qu'elle a pu être décrite par l'archéologie, en montrant l'apparition des sept différentes lignées de tuberculose :

- il y a 73 000 ans, apparition des lignées 5 et 6 correspondant à une première migration humaine importante vers l'Afrique de l'Ouest,
- il y a 67 000 ans, apparition de la lignée 1 correspondant à une migration humaine importante autour de l'Océan Indien,
- il y a 64 000 ans, apparition de la lignée 7 concernant une population qui est restée en Afrique ou

5. **Génome** : ensemble de l'information génétique d'un organisme. Par extension, le génome se réfère aussi au support physique de cette information génétique, la macromolécule d'ADN. L'annotation des gènes est le processus permettant d'identifier l'emplacement des gènes dans l'ADN, de déterminer leurs fonctions et leurs possibles interactions.

6. **Mitochondrie** : centrale énergétique des cellules qui contribue à la production d'ATP.

7. **MTBC** : Mycobacterium Tuberculosis Complex.

8. **Haplogroupe** : groupe possédant les mêmes caractères génétiques et partageant un ancêtre commun suivant une mutation SNP.

est revenue en Afrique après une première migration,

- il y a 46 000 ans, apparition de la lignée 4 correspondant à une migration humaine importante vers l'Europe,

- il y a 42 000 ans, apparition des lignées 2 et 3 correspondant à une migration humaine importante vers l'Asie de l'Est et l'Asie Centrale.

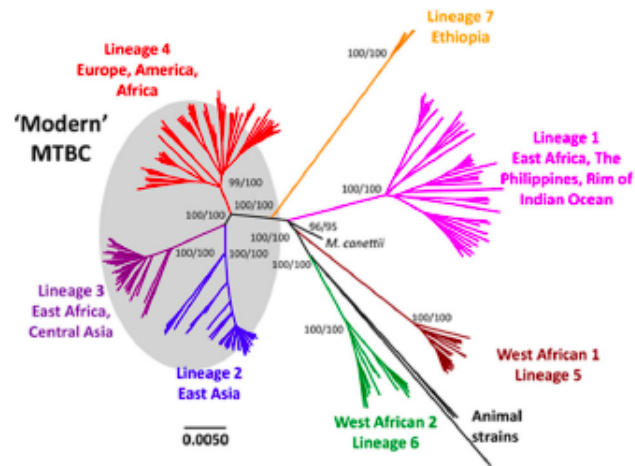


FIGURE 1 – Phylogénie du génome complet de MTBC, d'après *Out-of-Africa migration and Neolithic coexpansion of Mycobacterium tuberculosis with modern humans*

Dans tous les cas, la tuberculose aurait infecté l'espèce humaine et évolué conjointement avec elle depuis 70 000 ans, mais son apparition serait antérieure à la transition démographique du Néolithique.

La base de données de tuberculose étudiée de façon probabiliste par Comas et al.[1] montre que le Néolithique a fortement contribué à l'expansion de la maladie il y a 10 000 ans grâce à l'augmentation de la densité de population et à la probabilité de co-infection avec d'autres maladies également dépendantes de la densité de population. La possibilité pour la tuberculose de muter d'une variété animale vers une variété humaine n'est en revanche pas retenue par Comas et al. En effet, l'analyse phylogénique de la tuberculose montre que les branches humaines ont divergé des branches animales avant le Néolithique.

Le Néolithique n'était pas la seule période où l'augmentation de la population fut importante, toutefois la concentration de population qui s'en est suivie a permis l'apparition, auprès de la tuberculose, de caractères fortement dépendants de la densité de population qu'elle affecte. Le Néolithique a donc marqué un tournant dans l'histoire de la tuberculose, qui a alors commencé à conjuguer les deux principaux modèles de maladie, d'une part dépendant de la densité de population et d'autre part s'apparentant à une infection chronique. En effet, le mode de transmission aérosol de la tuberculose s'est parfaitement adapté aux foules, et elle a montré à travers les âges des périodes de latence et de réactivation.

Il faut donc considérer que la co-existence de la tuberculose avec l'espèce humaine depuis des milliers d'années a conduit la maladie à s'adapter aux changements du génome humain et inversement. Les prochaines études sur la tuberculose devraient donc se concentrer sur des génomes complets de la tuberculose et de l'être humain choisis en rapport à leurs associations.

En particulier, la tuberculose a dû s'adapter aux autres infections ayant touché l'espèce humaine, avec plus ou moins de succès. Dans cet ordre d'idée, une étude récente de Perry S. et al.[7, 8] suggère que l'infection d'un organisme par *Helicobacter Pylori* pourrait protéger de la tuberculose sous sa forme active. A contrario, nous ne savons pas si la tuberculose latente pourrait protéger contre les



FIGURE 2 – Distribution géographique des lignées 1 à 6, d'après *Lineage specific histories of Mycobacterium tuberculosis dispersal in Africa and Eurasia*

ulcères et les cancers de l'estomac causés par *Helicobacter Pylori*.

2. LE DÉVELOPPEMENT DE SOUCHES RÉSISTANTES AUX ANTIBIOTIQUES

2.1. L'expansion de la lignée 4 de *M. tuberculosis*

La lignée 4 de *M. tuberculosis* est la plus répandue de par le monde et pour cette raison a fait l'objet de nombreuses publications. Brynildsrud O.B. et al.[3] utilisent des méthodes d'analyse discrète et une approche bayésienne⁹ en phylogénie moléculaire pour obtenir de manière formelle l'évolution phylogéographique de la lignée 4 de *M. tuberculosis*. Ils estiment que le plus récent ancêtre commun de la lignée 4 est apparu en Europe en 1096 après JC. Si on considère l'Europe en tant que continent au sens large, cela ne contredit pas les résultats de O'Neil M.B. et al.[14] qui estiment l'origine de la lignée 4 autour de la méditerranée.

L'analyse phylogéographique de Brynildsrud O.B. suggère que les premières vagues de migration de la lignée 4 hors d'Europe se sont déroulées au début du 13ème siècle vers l'Asie du Sud-Est. Il est également possible d'établir une correspondance entre la structure des isolats¹⁰ Vietnamiens et l'époque de l'expansion coloniale française en Indochine au 19ème siècle.

Les vagues suivantes de migration de la lignée 4 se sont dirigées vers l'Afrique de l'Ouest au 15ème

9. **Approche bayésienne** : méthode probabiliste basée sur le calcul des probabilités postérieures des arbres phylogéniques par la combinaison d'une probabilité antérieure avec la fonction de vraisemblance

10. **Isolat** : fragment d'organisme qu'on a isolé à des fins d'examen histo-pathologiques ou pour être cultivé in vitro.

siècle, puis vers Afrique de l'Est et du Sud au 17^{ème} siècle. Les échanges continus avec le Portugal dès le 15^{ème} siècle ont favorisé la dispersion de la maladie, ce qui a été renforcé plus tard par la colonisation française de l'Afrique de l'Ouest. Ces échanges avec les populations européennes ont prévalu à une transmission locale de la tuberculose jusqu'au 19^{ème} siècle.

La transmission de la maladie en Amérique date, elle aussi, du 15^{ème} siècle avec la colonisation du continent, mais il faudra attendre le 17^{ème} siècle pour voir l'explosion de la maladie en Amérique du Sud. Ce retard dans l'évolution de la maladie par rapport à la branche africaine peut s'expliquer par le taux de mortalité élevé des populations autochtones au contact des européens.

La première migration interne de la maladie en Afrique date de l'Empire Zulu au 19^{ème} siècle et se dirigeait vers le Nord et l'Est africain.

Ainsi, Brynildsrud O.B. et al. montrent que la dispersion de la lignée 4 est essentiellement liée à l'expansion coloniale européenne en Afrique et en Amérique entre le 17^{ème} et le 19^{ème} siècle.

2.2. L'adaptation de la lignée 4 pour devenir résistante aux antibiotiques

Nous avons déjà vu que la tuberculose a su s'adapter à l'évolution géographique de l'humanité en suivant les différentes migrations humaines pour créer de nouvelles lignées ou de nouvelles souches. Il apparaît que la tuberculose est également capable de suivre l'évolution médicale de l'humanité. L'étude de Brynildsrud O.B. et al.[3] constate chez *M. tuberculosis* l'émergence croissante d'une résistance à de multiples antibiotiques entre 1960 et 2000 au travers de la phylogénie de la lignée 4.

Des mutations spontanées dans le génome de la tuberculose peuvent altérer les protéines qui sont la cible des médicaments, ce qui rend les bactéries résistantes à ces médicaments. Prenons comme exemple une mutation du gène *rpoB* de *M. tuberculosis*, qui code pour la sous-unité β ¹¹ de l'ARN polymérase¹² de la bactérie. Dans la tuberculose non résistante, la rifampicine se lie à cette sous-unité β et perturbe l'élongation de la transcription de l'ARN. La mutation dans le gène *rpoB* modifie la séquence des acides aminés et donc de la sous-unité β . Dans ce cas, la rifampicine ne peut plus se lier à la sous-unité β de l'ARN et empêcher la transcription. La bactérie est devenue résistante. C'est bien le cas de la tuberculose, qui est considérée aujourd'hui comme une maladie résistante aux antibiotiques.

Une souche de *M. tuberculosis* est appelée MDR-TB *Multi-Drug-Resistant Tuberculosis* si elle est résistante au deux anti-tuberculeux de première intention les plus puissants, l'isoniazide et la rifampicine. Dans ce cas, certaines régions du génome de *M. tuberculosis* sont impliquées dans la résistance à plus d'un médicament. La découverte de nouvelles cibles moléculaires s'avère essentielle pour lutter contre ce développement de la résistance chez *M. tuberculosis*. Une souche de *M. tuberculosis* est appelée XDR-TB si elle est de surcroît résistante aux anti-tuberculeux de seconde intention tels que la fluoroquinolone et l'aminoglycoside.

Les causes de la résistance de *M. tuberculosis* aux antibiotiques sont multiples, mais il s'agit principalement de l'utilisation inappropriée ou incorrecte d'antibiotiques, et de l'interruption précoce des traitements. Dans ce cas, les souches résistantes se transmettent génétiquement de générations en générations. Toutefois, ces souches résistantes de *M. tuberculosis* peuvent aussi se transmettre directement à une personne saine, qui dans ce cas, se retrouve infectée avec une souche MDR-TB sans avoir pris de traitement inapproprié contre la tuberculose.

11. **Sous-unité β** : élément de l'ARN polymérase des bactéries qui est composé de la structure suivante $\alpha_2\beta\beta'\omega$

12. **ARN polymérase** : complexe enzymatique responsable de la synthèse de l'ARN à partir d'ADN.



FIGURE 3 – Transmission de la résistance ces dernières années à l'échelle mondiale, d'après *Global expansion of Mycobacterium tuberculosis lineage 4 shaped by colonial migration and local adaptation*. FLQ=fluoroquinolone, INH=isoniazide, KAN=aminoglycoside, RIF=rifampicine

Brynildsrud O.B. et al. étudient également le gène *ltdD2* impliqué dans la réplication de *M. tuberculosis* au sein des macrophages¹³ humains. Ils identifient au niveau des codons 3 et 253 la présence de nombreux promoteurs¹⁴ et mutations non-synonymes qui ont évolué indépendamment.

Une recherche au sein d'une base de données recouvrant les lignées 1 à 6 a révélé que la mutation du codon 3 a émergé indépendamment dans les lignées 1, 2 et 4, alors que la mutation du codon 253 est apparue à plusieurs reprises dans la lignée 4 et est présente dans pratiquement tous les isolats de la lignée 2. Brynildsrud O.B. et al. constatent que les mutations de *ltdD2* ont commencé à apparaître bien avant l'utilisation des antibiotiques sur tous les continents. Ceci suppose une adaptation locale de *M. tuberculosis* à de profonds changements chez l'hôte humain, qui s'est opérée en parallèle sur les différents continents. Par ailleurs, les souches hébergeant des mutations du promoteur *ltdD2* présentent un avantage significatif en terme de transmissibilité.

Il ne fait aucun doute que des souches MDR-TB peuvent traverser les frontières, comme cela a déjà été observé avec la lignée 2 entre l'Europe de l'Est et l'Europe de l'Ouest. Toutefois, le jeune âge relatif des souches résistantes pourrait expliquer le manque de migrations observées de ces souches. Brynildsrud O.B. et al. démontrent que, d'un point de vue mondial, la migration humaine a joué un rôle négligeable dans l'élaboration des modèles de résistance aux antimicrobiens. En effet, la migration des souches résistantes s'est avérée marginale. Il s'agit plutôt d'un phénomène local. La restriction géographique de souches résistantes suggère même de lutter contre ce type de mutation de *M. tuberculosis* de façon nationale plutôt que de recourir à une politique globale de traitement antibiotique.

13. **Macrophage** : cellule appartenant aux globules blancs qui infiltre les tissus et est capable de phagocytose.

14. **Promoteur** : région de l'ADN située à proximité d'un gène et indispensable à la transcription de l'ADN.

3. LE LOCUS CRISPR-CAS

3.1. Quelques caractéristiques du génome de *M. tuberculosis*

La souche H37Rv de *M. tuberculosis* est la souche de tuberculose la plus étudiée en laboratoire, depuis sa découverte en 1905. Elle sert aujourd'hui de référence pour le séquençage et l'annotation du génome de *M. tuberculosis*. Constitué d'environ 4 millions de paires de base et 3959 gènes, ce génome se caractérise par un taux élevé de guanine G et de cytosine C (65,6%), et un codon GTG qui sert de codon d'initiation dans 35% des gènes.

Parmi les marqueurs génétiques utilisés pour des études phylogéniques ou d'épidémiologie moléculaire, on retrouve les SNPs, les loci CRISPR, les MIRU¹⁵, et les VNTR¹⁶. L'association des résultats obtenus par ces marqueurs génère un profil allélique¹⁷ utile pour l'étude du complexe *M. tuberculosis*. La base de données mondiale de marqueurs moléculaires de la tuberculose SITVIT¹⁸ présentée par Demay C. et al.[12] contient les génotypes de *M. tuberculosis* obtenus à partir des marqueurs moléculaires MIRU et VNTR.

3.2. Description du locus CRISPR-Cas

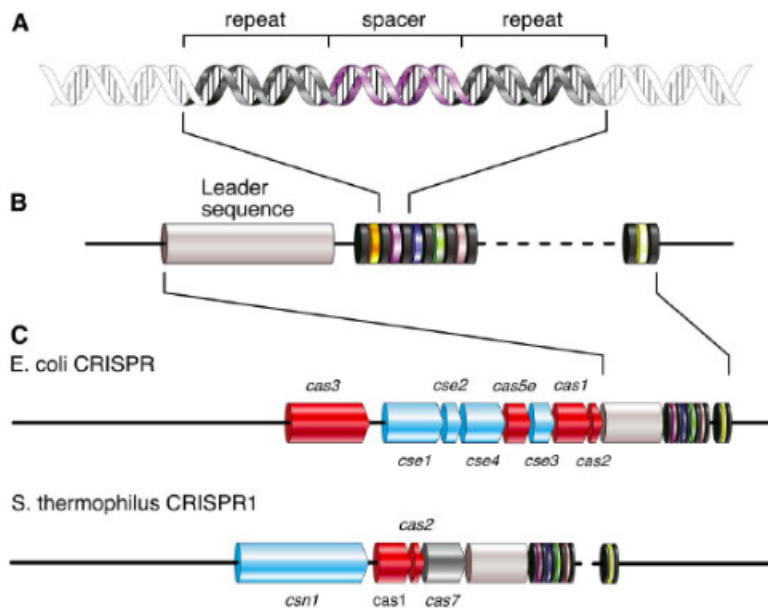


FIGURE 4 – Structure du locus CRISPR-Cas, d'après <https://www.sinobiological.com/crispr-locus.html>

15. **Marqueur MIRU Mycobacterial Interspaced Repetitive Units** : séquences nucléotidiques courtes répétitives en tandem entrecoupées de mycobactéries. La méthode MIRU actuellement utilisée sur *M. tuberculosis* est composée de 12 loci MIRU différents. Un mirutype est un modèle à 12 chiffres représentant le nombre de répétitions de chacun de ces 12 loci spécifiques.

16. **Marqueur VNTR Variable Number of Tandem DNA Repeats** : séquences nucléotidiques courtes en tandem à nombre variable. Cinq répétitions en tandem exactes (locus ETR) sont utilisées pour l'analyse VNTR du complexe *M. tuberculosis*.

17. **Allèle** : version variable d'un même gène.

18. **Base de données SITVIT** : base de données de l'Institut Pasteur de Guadeloupe consultable en ligne http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT_ONLINE/query, permettant d'analyser des data liées au MTBC. Elle comprend les spoligotypes de *M. tuberculosis*, ainsi que les marqueurs utilisés pour les détecter MIRU12, VNTR, SIT, MIT, VIT, les différentes branches de MTBC, les pays d'origine et l'année de découverte.

Le locus CRISPR *Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats* est une famille de séquences répétées (DR pour *Direct Repeat*) dans l'ADN formant un palindrome, qui se trouve à l'état naturel chez 40% des bactéries (dont le *M. tuberculosis*) et la plupart des archées. CRISPR est héritable par transmission aux cellules filles et se conserve donc pour une même espèce. Chez *M. tuberculosis*, chaque série de répétitions contient 36 bp¹⁹ ; les répétitions étant régulièrement espacées par des espaceurs de 34 à 41 bp. A l'heure actuelle, 104 espaceurs ont été identifiés dans toutes les souches de *M. tuberculosis*. Les loci CRISPR sont généralement adjacents aux gènes Cas, dont ils sont séparés par une séquence de 300 à 500 bp, appelée leader qui contrôle à la fois l'acquisition de l'ADN viral par les espaceurs et la fabrication des protéines. Les gènes Cas produisent des protéines aux fonctionnalités multiples et notamment les enzymes²⁰ capables de couper l'ADN en vue de sa réparation.

Ces séquences CRISPR incorporent dans les espaceurs des fragments d'ADN de bactériophages qui ont déjà infecté la bactérie, et sont stockés pour détecter et détruire l'ADN de bactériophages similaires en cas de nouvelle infection. Par conséquent, CRISPR-Cas est un système immunitaire naturel utilisé par les bactéries pour se protéger des infections virales.

3.3. Fonctionnement du système CRISPR-Cas

Les systèmes CRISPR-Cas sont de trois types et utilisent les différents gènes Cas pour intégrer des fragments de gènes étrangers dans les espaceurs de CRISPR. Par exemple, dans le cas d'une bactérie qui détecte la présence d'ADN ou d'ARN d'un virus, elle produit une enzyme nucléase appelée Cas9 capable de couper l'ADN viral, puis une séquence d'ARN CRISPR notée crARN correspondant à celle de l'ADN du virus et servant de guide ARN, et finalement une séquence d'ARN traceur notée trARN. Lorsque trARN trouve sa cible parmi le génome du virus, Cas9 sectionne l'ADN viral puis en incorpore un fragment dans un espaceur du génome de la bactérie, conservant ainsi en mémoire une trace de ce virus en vue d'une éventuelle infection future. Les espaceurs servent donc de banque de mémoire en conservant l'ADN des virus qui ont attaqué la bactérie. Cette fonctionnalité va être exploitée de différentes manières par les biologistes.

La technologie CRISPR-Cas9, s'inspirant du système du même nom, a d'abord été utilisée pour typer les souches bactériennes, suivant une technique appelée spoligotypage. CRISPR-Cas9 est actuellement principalement employé comme ciseau moléculaire afin d'éditer le génome et d'introduire localement des modifications génétiques.

4. LE SPOLIGOTYPAGE

La région DR du locus CRISPR-Cas présente un niveau de polymorphisme suffisant pour pouvoir classer phylogéographiquement les souches de *M. tuberculosis*. Le polymorphisme entre les différentes souches résulte des variations et de l'identité des espaceurs. C'est ce polymorphisme qui est exploité en 1997 par Kamerbeek et al. et expliqué dans [16] comme technique de génotypage spécifique de *M. tuberculosis*. Le *Spacer Oligonucleotide Typing*, repose sur la détection de séquences répétitives trouvées entre les gènes d'un agent infectieux au sein d'un locus CRISPR-Cas. Pour ce faire, la région DR d'un isolat à tester subit un traitement par amplification PCR²¹ ou celui d'une puce à

19. **bp** : une paire de base.

20. **Enzyme de restriction** : protéine capable de couper un fragment d'ADN au niveau d'une séquence de nucléotides caractéristique appelée site de restriction. Chaque enzyme de restriction reconnaît ainsi un site spécifique.

21. **PCR Polymerase Chain Reaction** : méthode de réaction en chaîne utilisant un polymère pour dupliquer en grand nombre une séquence d'ADN spécifique. La méthode PCR repose sur le cycle thermique, qui expose les séquences à des cycles répétés de chauffage et de refroidissement pour permettre différentes réactions dépendantes de

ADN²², pour dévoiler un motif de taches correspondant aux espaceurs.



FIGURE 5 – Les différentes étapes du spoligotypage d'après *Etudes descriptive, épidémiologique, moléculaire et spatiale des souches Mycobacterium tuberculosis* circulant à Antananarivo, Madagascar

La comparaison de ces motifs permet la différenciation des souches. Quarante-trois espaceurs les plus polymorphes ont été utilisés pour le typage des mycobactéries suivant Kamerbeek et al. La classification classique de MTBC utilise donc un groupe de 43 bits représentant la présence ou l'absence d'espaceurs dans le locus CRISPR, qu'on appelle spoligotype. Des études pour augmenter le niveau de discrimination du spoligotypage ont été faites en 2010 utilisant 68 espaceurs. A l'heure actuelle l'équipe AND de l'université de Franche Comté utilise 98 espaceurs pour ce génotypage.

La technique ne nécessite pas une importante quantité d'ADN car elle est basée sur une amplification de la région DR par PCR. Les spoligotypes ainsi obtenus peuvent être partagés entre laboratoires et corroborent les résultats recueillis à partir d'autres marqueurs génétiques. Ces données numériques permettent de bien différencier les souches de *M. tuberculosis* et sont de moindre coût comparative-ment à d'autres méthodes. Cependant, le spoligotypage éprouve des difficultés à bien différencier les souches au sein de grandes familles de *M. tuberculosis* telles que la lignée 2 par exemple.

Jusqu'à présent, le spoligotypage a permis de fournir une image globale de la diversité des souches de *M. tuberculosis*.

Une nouvelle technologie permettant de combiner le spoligotypage avec des tests moléculaires de sensibilité aux anti-tuberculeux, appelée spoligoriftypage, a été développée pour aboutir à la version

la température comme la fusion de l'ADN et la réplication de l'ADN par les enzymes. La méthode PCR utilise deux agents principaux : les polymères d'ADN i.e. des macromolécules répétant un même motif structural d'ADN et les amorces de séquençage.

22. Puce à ADN : ensemble de molécules d'ADN fixées sur une petite surface solide permettant de mesurer le niveau d'expression d'un grand nombre de gènes simultanément, ou de déterminer le génotype de plusieurs régions d'un génome.

Numéro	Numéro espaceur en spoligotypage	Numéro espaceur dans le génome	séquence des oligonucléotides (5'→3')	Numéro	Numéro espaceur en spoligotypage	Numéro espaceur dans le génome	séquence des oligonucléotides (5'→3')
1	1	2	CGCTCCCTAGTGGT	53	-	17	TCTTGAGCAACGCCATC
2	2	3	TGGGCGACAGCTTTGA	54	-	45	AAGTTGGCGCTGGGG
3	3	4	CTTCCAGTGATCGCCTT	55	-	48	AACCGTCCACCTG
4	4	12	TCATACGCGACCAATC	56	-	49	AACACTTTTTTGAGCGTGG
5	5	13	TTCTGACCACTTGTGCG	57	-	50	CGGAAACGACGACCC
6	6	14	TCATTTCCGGCTT	58	-	54	CGATCATGAGAGTTGCG
7	7	15	TGAGGAGAGCGAGTACT	59	-	55	TTTTCGCTGTTGTGGTTCT
8	8	18	TGAAACGCCGCCAG	60	-	56e	AGCACCTCCCTTGACAA
9	9	19	ACTCGGAATCCCATGTG	61	-	57	TGCTGACTTCGCTGTA
10	10	20	CTCTAGTTGACTTCCGG	62	-	58	CGAGCAGCGGCATAC
11	11	21	CAGGTGAGCAACGGC	63	-	59	GCATCCACTCGTCGC
12	12	22	ATGGGATATCTGTGCGC	64	-	60	TGTAATTGCGTCACGG
13	13	23	ATTGCCATTCCCTCTCC	65	-	61	ACCATCCGACGACGG
14	14	24	TTTCGGTGTGATGCGGA	66	-	66	CCACGCTACTGCTCC
15	15	25	TGAATAACGCGCAGTGAAT	67	-	67	CACCGCCGATGACAG
16	16	26	TCGCACGAGTTCGCG	68	-	68	GTGTTTCGGCCGTGC
17	17	27	CGGCAACAATCGCG	69	-	69	GTTGCATTCTGCGACTG
18	18	28	TGCAGATGGTCCGGG	70	-	70	GGCGGCCCGGAGAA
19	19	29	TTGCGCTAACTGGCTTG	71	-	71	TTCCATGACTTGACGCC
20	20	30	ATTTCCTTGACCTCGCC	72	-	72	CGATGCGGCCACTAG
21	21	31	CGATGTCGATGTCCAA	73	-	73	GCTGACCCCATGGATG
22	22	32	ACGGCACGATTGAGACA	74	-	74	CAACAAGGTCTACGGCT
23	23	33	GTCCAGCTCGTCCGT	75	-	75	GATCAGGCGAAGCGC
24	24	34	GCCTGCTGGGTGAGA	76	-	76	ATTGCAGCGACGGGC
25	25	35	GGAGCCGATCAGCGA	77	-	77	CAACGACGCTGATTGG
26	26	36	CTTCAGCACCACTCA	78	-	78	AGCAGCATGGACGGTTT
27	27	37	TTGCTGATCTCTCCCG	79	-	79	GCGGATGTGGTGGTC
28	28	38	GATCACAACCAACTAATG	80	-	80	GTACATAGCGAGCTG
29	29	39	GAAATACAGGCTCCACG	81	-	81	GCCGCGGGTTTCGTT
30	30	40	TCTTGACGATGCGGTTG	82	-	82	GGGGCGTGTGTTGCT
31	31	41	TTGCGGTGACACAGGTT	83	-	83	CTGGTGTGCTTATGCCT
32	32	42	ACTCCCGACCAATAGG	84	-	84	CAAAATGTTTGACTGTGATC
33	33	43	TCGACACGACATGAC	85	-	85	TTGTGCGCGCCTTTTT
34	34	44	GAAGTCACCTGCCCC	86	-	86	GTTTCAGTTTTCTGTCCC
35	35	46	AGTCCGTACGCTCGAAA	87	-	87	CTGGTTGTTGCCCGG
36	36	47	CGAAATCCAGCACACA	88	-	88	TGTTCCGTTCTCTCTG
37	37	51	TTTGAGCGCGAACTCGT	89	-	89	TCATGACGAGCCCGCA
38	38	52	TGGATGGCGGATGCG	90	-	90	ACACGGCCTGATCGGT
39	39	53	AAATCGGCGTGGGTAAC	91	-	91	CGGATTGTCTGGCCC
40	40	62	TCATACAGGTCCAGTGC	92	-	92	TAAGCACGCGCTGTGCA
41	41	63	GCTTTCGGCTTCTATC	93	-	93	GACCAACCGAATCACCAT
42	42	64	GACATGGAACGAGCGC	94	-	94	TCTGGTAGTGGGCTTCT
43	43	65	CAGAATCGCACCGGG	95	-	11	ACATGCCGTGGCTCA
44	-	1	CAACCCGGAATTCTTGC	96	-	16	CACGACGTTAGGGCA
45	-	5	CAGGCGTGGCTAGG	97	-	5	CGGCAGGCGTGGCTA
46	-	6	GTCGCCGTAAGTGCC	98	-	6	CCGTCGCCGTAAGTG
47	-	7	GTTGACCAACGAATTTTTCAG	99	-	17	GAGCAACGCCATCAT
48	-	8	GCTGGCGCGCATCAT	100	-	11	TGAGCCACGGCATGT*
49	-	9	CCATATCGGGGACGG	101	-	16	ATGCCCTAACGTCGTG*
50	-	10	GCGTGTGTCATCAG	102	-	5	TAGCCACGCTGCCG*
51	-	11	CCGTGCATGCGGT	103	-	6	CACTTACGGCGACGG*
52	-	16	ACGTTAGGGCATGCA	104	-	17	GATGATGGCGTTGCT*

FIGURE 6 – Espaceurs connus chez MTBC, d'après *Etudes descriptive, épidémiologique, moléculaire et spatiale des souches Mycobacterium tuberculosis circulant à Antananarivo, Madagascar*

TB-SPRINT qui a été décrite en 2013 par Gomgnimbou et al. dans leur article [18]. Elle consiste au typage tuberculose-spoligo-rifampicine-isoniazide fonctionnant sur des systèmes à base de microbilles, à partir notamment de 43 espaceurs, 11 SNPs présents sur rpoB aux positions 516, 526 et 531. Cette nouvelle génération de spoligotypage fournit donc, en plus des données classiques de génotypage, une prédiction basée sur la mutation des profils de résistance aux médicaments.

4.1. Vers une normalisation des spoligotypes

Au début du spoligotypage, il n'existait pas de norme pour décrire les motifs formés par les espaceurs ou simplement les numéroter. Chaque laboratoire utilisait son propre système de numérotation accompagné d'un schéma descriptif du motif. Ce manque de normalisation entravait les possibilités

de comparaison des résultats obtenus et le développement d'une vision mondiale de l'évolution de *M. tuberculosis*. Une méthode standardisée de description des spoligotypes a été proposée en 2001 par Dale JW dans son article [10].

Dale JW et al.[10] proposent d'utiliser exclusivement un système rationnel octal ou hexadécimal, sachant qu'il est aisé de passer de l'un à l'autre et qu'il est également facile de retrouver l'état initial binaire. Ainsi, les motifs de spoliotype comprenant 43 bits seraient réduits dans le système octal en 14 groupes de 3 bits auquel s'ajouterait un unique bit, ce qui donnerait finalement un ensemble de 15 chiffres en écriture octale. En ce qui concerne le système hexadécimal, les motifs de 43 bits seraient réduits en 6 groupes de 8 bits avec un dernier groupe ne comprenant que 3 bits, soit 6 groupes de 2 chiffres hexadécimaux. Notons qu'un bit symbolise dans ce cas la présence ou l'absence d'une espaceur dans le locus étudié.

FIGURE 7 – Exemple de système rationnel octal et hexadécimal, d'après <https://www.mbovis.org/spoligotype-nomenclature.php>

4.2. Quel outil informatique pour le spoligotypage?

SpolPred est un logiciel de prédiction rapide et précis des spoligotypes de *M. tuberculosis* à partir de séquences génomiques courtes appelées reads²³. Cet outil développé par Coll F. et al. fonctionne efficacement avec des reads provenant de plateformes telles que Illumina GAI ou HiSeq. SpolPred utilise des fichiers de séquences de reads simples ou par paires au format FASTQ, afin de produire une

prédiction de spoligotype au format octal, qui est ensuite comparée au spoligotype correspondant dans la base SITVIT.

	ID	Nb	Spoligotype	MIRU12	MIRU13	VNTR	SIT	12MIT	15MIT	24MIT	VIT	Lineage	Origin	Isolat	Year	Dr	Se	Age	HIV	Inves
	BRA000000119	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA000000120	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA040000047	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA0400000147	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA0400000153	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA0400000213	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA0400000251	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	0	?	?	?	?	Ross
	BRA0420000353	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000372	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000377	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000383	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000385	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000386	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000405	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000423	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000426	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000443	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000452	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000465	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000471	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	BRA0420000477	1	77777777720771				50					H3	?	BRA	2000	0	?	?	?	Ross
	IND0820040494	1	77777777720771	3352_4134602			50	Orphan				H3	?	IND	2004	2	M	20	?	Varm
	FX0300000606	1	77777777720771				50					H3	?	FRA	0	?	?	?	?	Maug
	FX0300000609	1	77777777720771				50					H3	?	FRA	0	?	?	?	?	Maug
	FX0300000616	1	77777777720771				50					H3	?	FRA	0	?	?	?	?	Maug
	FX0300000631	1	77777777720771				50					H3	?	FRA	0	?	?	?	?	Maug

FIGURE 8 – Exemple de recherche effectuée sur SITVIT2 à partir du spoligotype 77777777720771 dont le résultat est exploitable au format Excel

Dans leur étude [2], Coll F. et al. montrent en 2012 l'utilité de SpolPred en comparant les spoligotypes obtenus par le logiciel avec les résultats de laboratoire. Ils dévoilent ainsi les limites de la méthode expérimentale qui a répertorié cinq faux spoligotypes, alors que SpolPred a su éviter ces erreurs de classification du génotype. Par ailleurs, il apparaît que SpolPred offre plus de rapidité avec des résultats pratiquement identiques à ceux obtenus avec la méthode bio-informatique par assemblage. Cette dernière, développée en 2008 à l'aide du logiciel Velvet, consiste à fusionner des fragments d'ADN issus d'une plus longue séquence afin d'en reconstruire la séquence originale.

Toutefois, d'après l'étude de Xia et al.[9], la précision de SpolPred est fortement réduite lorsque les reads n'ont pas une taille uniforme, comme par exemple lorsqu'ils proviennent de séquençages Ion Torrent ou de la plateforme de diagnostic clinique Illumina MiSeq. Ainsi, lorsque les reads ne sont pas uniformes, la précision des résultats dépend fortement de leurs tailles et donc du choix initial fait par l'opérateur. Par ailleurs, SpolPred demande à l'utilisateur de spécifier la direction de lecture des reads, et le logiciel n'utilise donc qu'une partie des informations fournies par les reads.

Une problématique de SpolPred en 2020 est que le logiciel n'est plus disponible au téléchargement en ligne. En effet, une visite sur le site officiel <http://www.pathogenseq.org/spolpred>, fourni comme référence dans le document [2] de Coll F. et al., montre que le nom du domaine est à vendre. Preston M., qui a fait partie de l'équipe de recherche de Coll F. pour le développement de SpolPred, a bien créé un site proposant le téléchargement du logiciel <https://www.mybiosoftware.com/spolpred-predict-the-spoligotype-from-raw-sequence-reads.html>, mais le lien est inactif en janvier 2020.

Une alternative à SpolPred est SpoTyping présenté en 2016 dans l'article [9] de Xia et al. comme

étant 20 à 40 fois plus rapide que SpolPred pour prédire avec précision des spoligotypes de *M. tuberculosis* à partir de reads de taille uniforme ou variable. Par ailleurs, SpoTyping lit chaque read dans les deux directions en exploitant complètement les informations fournies. SpoTyping réduit la durée des recherches en intégrant l'algorithme BLAST²⁴ dans ses calculs. Il compare les isolats testés avec ceux ayant le même spoligotype dans la base de données mondiale SITVIT, qui regroupe les données épidémiologiques²⁵ associées à des isolats de même spoligotype.

L'intérêt d'un outil tel que SpolPred ou Spotyping est qu'il est capable de combiner le spoligotypage avec d'autres méthodes telles que MIRU (unités répétitives entrecoupées de mycobactéries) et VNTR (nombre variable de répétitions d'ADN en tandem) en utilisant la base de données SITVIT.

SpoTyping utilise des fichiers de séquences de reads simples ou par paires au format FASTQ et des fichiers de séquences complètes de génomes ou de contigs²⁶ assemblés au format FASTA. Les séquences de reads sont regroupées en une unique séquence continue au format FASTA pour être ensuite soumise à l'algorithme BLAST qui détecte les régions similaires. Finalement la base de données SITVIT permet d'identifier les isolats ayant le même spoligotype. SpoTyping est limité à une lecture de 250 Mbp au sein des séquences de reads testées, lors de l'utilisation du swift mode qui accélère le temps de traitement.

SpoTyping propose un rapport statistique permettant de résumer le rapprochement avec les spoligotypes trouvés dans la base de données SITVIT, ainsi qu'une estimation du nombre de correspondances positives pour chaque espaceur.

D'après le repository <https://github.com/xiaeryu/SpoTyping-v2.0/blob/master/SpoTyping-v2.0-commandLine/SpoTyping-README.pdf>, les spécifications techniques de SpoTyping sont les suivantes :

- SpoTyping peut s'exécuter sur les principaux systèmes d'exploitation, contrairement à SpolPred qui utilise exclusivement Linux. Il se présente à la fois sous forme de script et sous forme d'application avec une interface graphique.
- SpoTyping est un logiciel open-source qui peut se télécharger gratuitement à l'adresse <https://github.com/xiaeryu/SpoTyping-v2.0>. SpoTyping nécessite l'utilisation de Python2.7 et BLAST.
- il est recommandé d'utiliser le swift mode paramétré par défaut si le débit de séquençage²⁷ est inférieur à 135 Mbp. Pour les débits de séquençage inférieurs à 135 Mbp ou supérieurs à 1260 Mbp, les seuils doivent être réglés entre 0.018 et 0.1486 fois la profondeur de lecture estimée pour les hits sans erreur, et entre 0.018 et 0.1488 fois la profondeur de lecture estimée pour les hits tolérant une erreur. Notons que la profondeur de lecture est définie par le débit de séquençage divisé par 4 500 000 qui correspond à l'estimation de la longueur d'un génome de *M. tuberculosis*.

Le fichier obtenu propose une prédiction de spoligotype au format de code binaire et octal. Le fichier log obtenu contient le nombre de correspondances positives des résultats de BLAST pour chaque séquence d'espaces. Le fichier xls Excel obtenu fournit le résultat de la recherche de spoligotype auprès de la base de données SITVIT2²⁸.

24. **BLAST Basic Local Alignment Search Tool** : logiciel basé sur l'algorithme du même nom qui détecte des régions similaires entre plusieurs séquences biologiques. Le programme compare les séquences de nucléotides aux séquences contenues dans la base de données BLAST pour fournir des résultats statistiquement significatifs.

25. **Epidémiologie** : discipline scientifique qui étudie les problèmes de santé dans les populations humaines, leur fréquence, leur géographie ainsi que les facteurs influents.

26. **Contig** : séquence génomique continue et ordonnée, générée par l'assemblage des clones d'une bibliothèque génomique qui se chevauchent.

27. **Séquençage du génome** : consiste, par des méthodes chimiques ou de biologie moléculaire, à déterminer l'ordre des nucléotides de l'ADN.

28. **Base de données SITVIT2** : mise à jour de la base de données SITVIT, consultable en ligne <http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT2/index.jsp>



FIGURE 9 – Exemple de fonctionnement de SpoTyping, d'après *SpoTyping : fast and accurate in silico Mycobacterium spoligotyping from sequence reads*

L'étude de Iwai H. et al.[11] envisage une autre possibilité de travail et montre l'intérêt d'une analyse de *M. tuberculosis* à l'aide de serveurs, appelée CASTB, et notamment le spoligotyping. Le Webserver fournit une vue complète des données, mais les performances de chaque outil utilisé ne sont pas décrites dans l'article. Il est probable que le spoligotyping prenne plus de temps en passant par un serveur suite au problème de disponibilité des données et aux lenteurs de téléchargement de ces données. Il semblerait que SpoTyping, de par sa configuration locale, puisse fournir un résultat en une minute.

4.3. Comparaison de spoligotypes

Une fois les spoligotypes de différentes lignées obtenus, il est nécessaire de les comparer pour chercher à faire ressortir les points communs ou certains traits pouvant être liés à une mutation particulière. Il existe à l'heure actuelle un premier outil en ligne de comparaison du nom de SpolSimilaritySearch, accessible à l'adresse <http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SpolSimilaritySearch/index.jsp>, et présenté par Couvin D. et al.[19]. SpolSimilaritySearch incorpore un algorithme de recherche de similitudes entre spoligotypes dans la base de données SITVIT2. Cet outil permet d'analyser les modèles de propagation et d'évolution de *M. tuberculosis* en comparant des modèles de spoligotypes similaires, de distinguer les modèles répandus, confinés ou spécifiques, d'identifier les modèles ayant de grands blocs supprimés ou encore de fournir les modèles de distribution par pays pour chaque spoligotype interrogé.

Par exemple, si on sélectionne le spoligotype 777777777720771 appartenant à la lignée H3, et qu'on interroge la base SpolSimilaritySearch, on obtient les rapprochements suivants :

Cet outil pourrait donc s'avérer utile pour commencer à chercher des liens entre les sept lignées de *M. tuberculosis* et les spoligotypes de différentes souches. Un tableau comparatif de différents

Chapitre 2

Le choix des outils

1. L'ENVIRONNEMENT DE DÉVELOPPEMENT

Le package devra installer automatiquement les dépendances nécessaires à son bon fonctionnement. Ce processus doit rester transparent pour l'utilisateur. Mais au préalable, l'outil de création d'environnement virtuel *venv* va nous permettre de créer un environnement de développement afin de tester les codes du projet. *venv* commence par constituer un dossier contenant tous les exécutables nécessaires à l'utilisation des modules d'un projet Python. Par exemple, dans le cadre de notre projet, nous créons un répertoire *biologie*, et une fois dedans nous créons un environnement de développement **env_bio** que nous activons avant de nous placer dedans pour pouvoir l'utiliser

```
$ cd biologie
$ python3 -m venv env_bio
$ source env_bio/bin/activate
(env_bio)$ cd env_bio
```

Il est possible de confirmer que l'interpréteur Python se situe bien dans l'environnement de développement grâce à l'instruction

```
$ which python
```

qui va renvoyer **.../env_bio/bin/python** au lieu de **/usr/bin/python**

Il convient de définir la version de Python utilisée dans cet environnement de développement. Pour cela, le module *pyenv* nous permet de définir une version de Python comme version locale de travail dans l'environnement.

Une fois *pyenv* installé, on peut choisir parmi les versions disponibles, grâce à l'instruction

```
$ pyenv install -list
```

Comme la liste est particulièrement longue, on peut éventuellement être plus spécifique en demandant les versions allant de 3.6 à 3.8 avec l'instruction

```
$ pyenv install -list | grep " 3[678]"
```

L'installation de la version 3.7.0 par exemple se fait grâce à l'instruction

```
$ pyenv install -v 3.7.0
```

La version 3.7.0 de Python se trouve ainsi installée dans `/.pyenv/versions/` sur Linux.

Pour connaître toutes les versions de Python installées par *pyenv*, il suffit d'écrire l'instruction suivante qui fournit une liste de résultats

```
$ pyenv versions
* system
2.7.10
3.6.2
3.8.0
```

où le caractère '*' indique la version active dans le répertoire courant.

Pour définir la version 3.6.2 dans notre environnement de travail, il suffit de se placer dans cet environnement et d'écrire l'instruction

```
$ pyenv local 3.6.2
```

Dans un cadre plus général, l'instruction

```
$ python -version
```

permet de connaître quelle version de Python est utilisée dans le répertoire courant, qu'on se trouve dans un environnement de développement ou non.

En revanche, l'instruction

```
$ which python
```

fournit l'emplacement de cette version au lieu du nom de la version. Celui-ci devrait être sur Linux `/usr/bin/python`.

Finalement, nous installons dans cet environnement les dépendances nécessaires à l'aide de l'outil *pip* :

- pkg-resources==0.0.0 (installé automatiquement)

- ```
$ pip install xmltodict
```

le module xmltodict permet de lire du code XML comme si il s'agissait de code JSON. Il permet donc une lecture plus rapide des fichiers.

- ```
$ pip install openpyxl
```

le package openpyxl permet de lire et d'écrire dans des fichiers Excel de type xlsx, xlsxm, xlsx, xltm. Il comprend les modules et-xmlfile et jdcal.

- ```
$ pip install xlrd
```

le module xlrd extrait des données d'un tableur Excel à partir de la version 2.0 et avant de les formate.

```
$ pip install biopython
```

- 

le package biopython regroupe un ensemble d'outils Python pour le traitement informatique de la biologie moléculaire et comprend le module numpy.

- `DateTime==4.3`

Le module `datetime` permet de manipuler des dates et heures en gérant des objets de type `DateTime`.

- `pytz==2019.3` (installé avec le module `datetime`)

- `zope.interface==5.0.1` (installé avec le module `datetime`)

Notons que certains modules utilisés dans ce package sont nativement présents dans Python3. C'est le cas par exemple de :

- le module `os` fournit une manière portable d'utiliser les fonctionnalités dépendantes du système d'exploitation,
- le module `pickle` permet de sérialiser et désérialiser une structure d'objet Python. Il remplace le module primitif `marshal`. `pickle` se trouve déjà dans la librairie standard Python3,
- le module `csv` implémente des classes pour lire et écrire des données liées à des feuilles de calcul ou des bases de données au format `csv`,
- le module `shutil` propose des opérations sur les fichiers et collections de fichiers, notamment la copie et suppression de fichiers. Le module `subprocess.run` permet de gérer de nouveaux processus, de se connecter à leurs flux d'input/output/erreurs. Il remplace plusieurs modules dépréciés : `os.system`, `os.spawn*`, `os.popen*`, `popen2.*`, `commands.*`

Le package, une fois installé par l'utilisateur, devra fournir automatiquement un environnement de travail similaire, afin que son exécution soit rendue possible. On devra donc retrouver les modules installés via *pip* dans un fichier *requirements.txt* ou similaire. Sous Poetry cette fonctionnalité est prise en charge par le fichier *nom\_package.toml*.

## 2. COMPOSITION D'UN PACKAGE STANDARD

Un package standard comporte obligatoirement un fichier `__init__.py` qui va définir la version du projet et le nom du module de lancement du programme (souvent `__main__.py`). Il est toutefois acceptable et parfois même recommandé de conserver un fichier `__init__.py` vide. Par ailleurs, chaque sous dossier contenant des modules Python devra également contenir un fichier `__init__.py`

Les fichiers *setup.py*, *requirements.txt*, *LICENSE*, *README.md* ET *MANIFEST.in* sont également nécessaires.

- *setup.py* est le script de construction et configuration destiné au *setuptools*. Il définit notamment le nom et la version du package, ainsi que les fichiers qu'il contient. Il sert également d'interface en ligne de commande relative aux différentes fonctionnalités du package. *setup.cfg* est un fichier d'initialisation qui contient les options par défaut des commandes du *setup.py*.
- *requirements.txt* permet l'installation des dépendances à l'aide d'un unique fichier contenant un module à installer par ligne. Il nécessite l'instruction

```
pip install -r requirements.txt
```



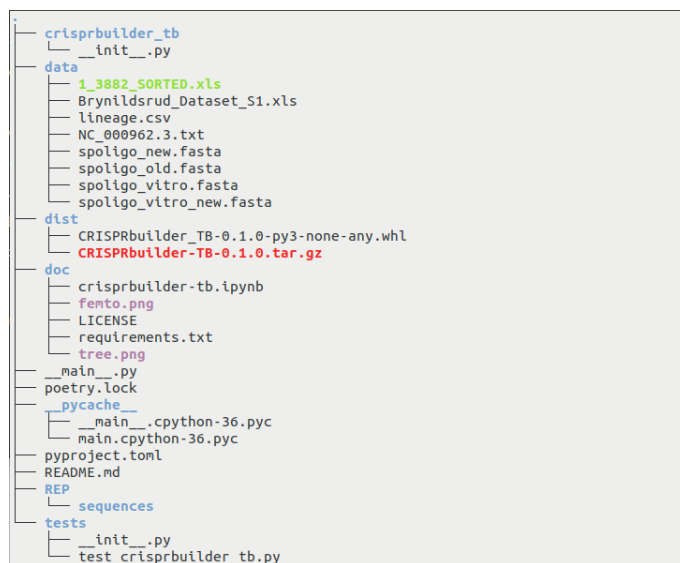
pour commencer ces installations. `pip freeze`

- *LICENSE* définit les termes légaux de la distribution. De nombreux pays n'autorisent pas l'utilisation ou la distribution de packages qui ne disposent pas de licence.
- *README.md* décrit l'objectif du package, son installation, la nature de ses dépendances et les principales fonctionnalités.
- *MANIFEST.in* permet d'inclure dans le package certains fichiers qui ne sont pas automatiquement intégrés.

L'ensemble des modules nécessaires au fonctionnement du package sont regroupés dans un répertoire portant le même nom que le package avec le fichier `__init__.py`.

Avec la PEP-518, le PyPA a proposé un nouveau standard au format `package.toml`, qui remplace les fichiers `setup.py`, `requirements.txt`, `setup.cfg`, `MANIFEST.in` et `Pipfile`. C'est ce nouveau standard qui est utilisé lors de la création d'un package avec Poetry.

La commande `poetry new nomPaquet` permet de générer le squelette de l'application, comprenant les tests unitaires, le fichier `pyproject.toml`, le fichier `README.rst` que nous changeons au format markdown `README.md`, le répertoire du projet et le fichier `init.py`. Nous rajoutons un fichier `LICENSE`, les composants principaux de la librairie, le présent rapport de stage et un fichier `.gitignore` pour la gestion des versions.



La plupart des systèmes d'exploitation incorporent Python2.7 par défaut. L'environnement de travail devra donc expressément définir Python3 comme version pour le projet. Nous avons choisi la version 3.6.5 de Python dans le fichier `package_mymtc.toml`.

Les paquets construits pour des systèmes Unix (Linux et MacOS) nécessitent l'incorporation de fichiers `build.sh` et `meta.yaml`. Les paquets construits pour les systèmes Windows nécessitent l'incorporation des fichiers `bld.bat` et `meta.yaml`. A VERIFIER DANS LE CAS DE POETRY

## 2.1. Quelle licence choisir ?

Trois licences retiennent notre attention. En voici les principales caractéristiques :



- la licence MIT, courte et permissive, préserve exclusivement le copyright et les avis de licence. Toute modification ultérieure peut être distribuée suivant une licence différente et notamment utilisée à des fins personnelles ou commerciales, sans obligation de publication des codes source,
- la licence Apache (2.0) est également permissive et sensiblement similaire dans ses conditions à la licence MIT. Toutefois, elle requiert de préciser les modifications effectuées lors de nouvelles distributions,
- la licence GNU (GPL v3.0) préserve également le copyright et les avis de licence. Elle peut être utilisée à des fins personnelles et commerciales. Elle impose en outre, en cas de modification, la publication complète des codes et l'utilisation de la licence GNU pour les nouvelles distributions.

Dans le cadre de ce projet, aucune spécification restrictive n'étant requise, nous avons choisi la licence MIT qui est simple et peu contraignante.

## 2.2. Choix de l'outil d'emballage

Le PyPA *Python Packaging User Guide* recommande l'utilisation de :

- *setuptools* pour définir des projets et créer des sources de distribution,
- *pipenv* pour la gestion des dépendances de packages lors du développement d'applications,
- *venv* pour isoler les dépendances particulières d'une application et créer un environnement de travail,
- *conda* permettant de fournir un environnement de travail favorable aux projets scientifiques, avec notamment tous les modules essentiels pré-installés,
- *buildout* pour les projets de développement Web,
- *poetry* pour un besoin particulier non couvert par *pipenv*,
- *pip* pour l'installation de bibliothèques à partir de PyPI *Python Package Index*.

Au regard de ces recommandations, nous avons testé les outils suivants dans le but de définir un environnement de développement et de construire un package incorporant les dépendances requises.

*pipenv* est un gestionnaire de haut niveau pour les environnements, les dépendances et les packages Python. Contrairement à *virtualenv*, *pipenv* distingue les dépendances du projet et les dépendances des dépendances du projet. Par ailleurs, *pipenv* différencie le mode développement du mode production. Il offre l'avantage de bien fonctionner sur Windows. Toutefois, la communauté Python l'a peu mis à jour depuis 2018.

*Anaconda* est une distribution de logiciels multiplateformes (Windows, Linux, MacOS) qui facilite l'installation des bibliothèques scientifiques *Numpy* et *Scipy*, ce qui est particulièrement intéressant dans le cas des plateformes Windows où ce processus est plus complexe. Elle incorpore une bibliothèque open-source appelée *conda* permettant la gestion des dépendances, de l'environnement de travail ainsi que la création de packages. *Anaconda* semble être approprié au projet, mais c'est une distribution trop lourde pour être intégrée à notre package et *Miniconda*, qui ne comporte que Python, *conda* et *pip*, ne répond pas aux besoins du projet.

Nous avons tout d'abord cherché à construire le package manuellement, à partir de *pipenv* associé à *pip*, puis de *conda* qui dispose d'une riche bibliothèque. Cet effort s'est avéré laborieux et a révélé des incompatibilités lors du *build* qui n'ont pas permis de valider les exigences de la plateforme *testPyPI*.

Nous avons donc décidé de construire notre package en utilisant *Poetry*, qui est un outil complet multiplateformes autour duquel la communauté Python reste très active. Il propose à la fois la gestion des dépendances, l'empaquetage (création d'une structure pour un projet et la génération de fichiers de configuration et de manifestes) et la publication. *Poetry* automatise ces différents procédés et facilite grandement le travail. Nous étudions en détail l'utilisation de cet outil dans la section suivante.

### 3. POETRY

#### 3.1. Création du package et gestion des dépendances

Pour créer notre package, il ne faut pas commencer par définir un dossier du nom du package, car cela sera automatiquement fait par Poetry. En revanche, il faut s'assurer que Python utilise bien la version 3 pour tout le travail de construction, ce qui se traduit par exemple par une variable d'environnement du type `/.poetry/_vendor/py3.6` en réponse à l'instruction

```
poetry build
```

Pour parvenir à un tel résultat, et comme expliqué précédemment, on commence par choisir une version appropriée de Python dans le répertoire parent dans lequel on souhaite créer notre package (ici la version 3.6.2)

```
$ cd biologie
$ pyenv versions
* system
2.7.10
3.6.2
3.8.0
$ pyenv local 3.6.2
$ python - -version
```

Puis la création du projet se fait à l'aide de la commande

```
poetry new crisprbuilder_tb
```

qui va créer un répertoire *crisprbuilder\_tb* contenant les éléments suivants :

```
├── crisprbuilder_tb
│ ├── __init__.py
│ ├── pyproject.toml
│ ├── README.rst
│ └── tests
│ ├── __init__.py
│ └── test_crisprbuilder_tb.py
```

Notons qu'il est préférable de choisir un nom de package en minuscules pour éviter toute confusion car, bien que les majuscules soient conservées sur PyPI, l'appel du package en ligne de commande devra s'effectuer en minuscules. En outre, par convention il faut éviter le symbole '-' qui est automatiquement remplacé par '\_' lors de la création du package.

Le fichier *pyproject.toml* remplace les anciens standards de définition de packages : *setup.exe* et *requirements.txt*. Il précise notamment le nom du package, sa version, sa description, l'emplacement de son dépôt (par exemple sur GitHub), l'adresse email de l'auteur du package, et la version des dépendances.

En ce qui concerne la version des dépendances, il faut tout d'abord se placer dans le répertoire **crisprbuilder\_tb** puis utiliser l'instruction

```
$ poetry add nom_dependance
```

qui assure la compatibilité de la dépendance *nom\_dependance* avec le package *crisprbuilder\_tb*. Il est également possible d'imposer certaines contraintes sur les versions des dépendances ou encore de rentrer manuellement les dépendances dans le fichier *crisprbuilder\_tb.toml*, mais l'instruction

```
$ poetry add nom_dependance
```

offre l'avantage de chercher automatiquement une version compatible de la dépendance, puis de l'inscrire dans *pyproject.toml*.

Il faut donc ajouter les dépendances suivantes au projet :

```
$ cd crisprbuilder_tb
$ poetry add python3
$ poetry add xlrd
$ poetry add xltdict
$ poetry add biopython
$ poetry install
$ poetry build
$ poetry check
$ poetry publish
```

Pour installer ensuite les dépendances du projet au sein du package, il est nécessaire d'utiliser l'instruction

```
$ poetry install
```

qui crée les fichiers *poetry.lock* et *setup.py*, ainsi que le répertoire **crisprbuilder\_tb.egg-info** contenant le code, les ressources et les métadonnées du projet. Ce format facilite la désinstallation et la mise à niveau du code, car le projet est essentiellement autonome dans un unique répertoire. Il autorise ainsi l'installation de plusieurs versions d'un même projet simultanément. Il s'agit d'un format adapté à la distribution de plugins pour des applications extensibles et des frameworks, similaire au format *.jar* en Java. Il permet également de distribuer les gros packages en entités séparées. De son côté, *poetry.lock* empêche les dépendances de télécharger la dernière version au moment de l'installation, en fixant la version utilisable par le package. Finalement, *setup.py* n'est qu'un fichier temporaire servant à la construction de **crisprbuilder\_tb.egg-info**.

### 3.2. Construction du package et publication

Pour empaqueter le projet, il faut utiliser l'instruction

```
$ poetry build
```

qui va permettre de créer un répertoire source **dist** contenant une archive *crisprbuilder\_tb-0.1.2.tar.gz* et une distribution compilée *crisprbuilder\_tb-0.1.2-py3-none-any.whl*. Attention, si la distribution comporte la mention "py2" au lieu de "py3", cela signifie que la construction sous Poetry a été réalisée à partir de Python2. Il faut donc bien s'assurer de choisir une version de Python3 avant la création du package.

On peut vérifier la conformité du package avec l'instruction

```
$ poetry check
```

qui renvoie

```
All set !
```

si le package ne comporte aucune discordance et peut être publié.

A ce stade, la structure du package est alors la suivante

```
.
├── crisprbuilder_tb
├── crisprbuilder_tb.egg-info
├── dist
├── poetry.lock
├── pyproject.toml
├── README.md
└── tests
```

Avant de publier le package, il est bon de tester son comportement à l'installation. Pour cela, il est possible de le publier officiellement sur la plateforme de test *testPyPI*. Il faut alors se placer à la racine du package et lancer en ligne de commande l'instruction

```
$ twine upload -repository testpypi dist/*
```

Il est donc possible de télécharger un package provenant d'index différents de PyPI. Par exemple, l'installation de *crisprbuilder\_tb* à partir de *testPyPI* se fait à l'aide de l'instruction

```
$ pip3 install -i https://test.pypi.org/simple/ crisprbuilder_tb
```

ou si on précise la version du package

```
$ pip3 install -i https://test.pypi.org/simple/ crisprbuilder_tb==0.1.2
```

A noter qu'il ne faut utiliser de guillemets autour de la version du package.

Lorsque le package est finalement prêt pour être publié sur PyPI, on utilise l'instruction

```
$ poetry publish
```

Pour cela, l'auteur du package doit être enregistré sur PyPI avec un identifiant et un mot de passe. A partir de ce moment-là, le package est rendu disponible publiquement.

L'installation du package par un utilisateur quelconque se fait maintenant grâce à l'instruction

```
$ python3 -m pip install nom_package
```

Les explications relatives à l'utilisation pratique de *Poetry* sont reprises dans le tutoriel suivant que nous venons de publier sur YouTube : adresse YouTube

### 3.3. Installation du package

Au moment de l'installation, que ce soit à partir de *PyPI* ou d'un autre index tel que *testPyPI*, l'utilisateur ne choisit pas l'emplacement d'installation. Celui-ci est défini automatiquement par le système en fonction des variables d'environnement. Par exemple, si on utilise une version particulière de Python avec *pyenv*, alors le package pourra se trouver dans `/.pyenv/versions/3.6.5/lib/python3.6/`. Il est également fréquent de le retrouver dans `/.local/lib/python3.6/site-packages/` avec la plupart des différents packages. Comme on ne connaît pas avec certitude l'emplacement dans lequel le package va s'installer, il convient de définir une variable d'environnement qui pointe vers l'emplacement d'installation.

Lors de l'exécution du package, il est nécessaire de l'appeler par son nom en utilisant l'indice "-m" signifiant "module". Il n'est pas utile de préciser l'utilisation de Python3 si le répertoire courant travaille déjà avec cette version. En revanche, les chemins relatifs dans les modules du package ne devront pas utiliser le nom `crisprbuilder_tb` car celui-ci ne sera pas reconnu, une fois à la racine du package. EXPLICATIONS A CHANGER

Par défaut, Python cherche ses modules et packages dans la variable d'environnement `$PYTHON-PATH`. On peut alors consulter les différents chemins connus par cette variable d'environnement en exécutant l'instruction

```
$ python >> import sys
>> print(sys.path)
```

#### PROBLEME AVEC LES 3 CHEVRONS

afin d'obtenir une réponse sous forme de liste du type

```
['',
 '~/.pyenv/versions/3.6.5/lib/python3.6.zip',
 '~/.pyenv/versions/3.6.5/lib/python3.6',
 '~/.pyenv/versions/3.6.5/lib/python3.6/lib-dynload',
 '~/.local/lib/python3.6/site-packages',
 '~/.pyenv/versions/3.6.5/lib/python3.6/site-packages']
```

#### PROBLEME AVEC LES ESPACES CI DESSUS

## 4. DESCRIPTION DÉTAILLÉE DU PACKAGE

### 4.1. La structure du package construit par Poetry

Le répertoire `crisprbuilder_tb` contient obligatoirement à la racine les fichiers `__init__.py` et `__main__.py`

Par ailleurs, tous les répertoires comprenant des modules Python doivent contenir un fichier `__init__.py`.

Lors de l'exécution de l'instruction

```
$ poetry new crisprbuilder_tb
```

s'est créé le package *crisprbuilder\_tb* disposant de la structure suivante :

- un répertoire **doc** comprenant la documentation nécessaire pour comprendre et utiliser convenablement le package,
- un répertoire **\_\_pycache\_\_** comprenant des fichiers compilés et un fichier *\_\_init\_\_.py*,
- un répertoire **data** comprenant les bases de données utiles au programme, sans aucun module et donc aucun fichier *\_\_init\_\_.py*,
- un répertoire **REP** comprenant un répertoire séquences qui contient les résultats de recherche au sujet de différents SRA,
- un répertoire **tmp** comprenant un fichier nb.txt qui change pour chaque SRA à la racine du package, les fichiers *\_\_init\_\_.py*, *\_\_main\_\_.py*, *fonctions.py* et *bdd.py*.

#### 4.2. Fonctionnement du package *crisprbuilder\_tb*

Le package est décrit en détail dans le document *crisprbuilder\_tb.md* présent dans le répertoire **doc** du package. Nous reprenons ci-dessous les principaux éléments après les avoir traduits en français.

DOC

### 5. DESCRIPTION DU PACKAGE AVEC LE FICHIER CRISPRBUILDER\_TB.MD

## Chapitre 3

# Comprendre le fonctionnement d'un package

# Chapitre 4

## Les tests du package

### 1. LES PROBLÈMES LIÉS AUX CHEMINS D'ACCÈS

### 2. AMÉLIORER LE CODE AVEC PYLINT

*pylint* fournit une note entre 0 et 10 qui reflète le respect des règles du PEP8, notamment en ce qui concerne la lisibilité du code. Il reprend également certaines exigences relatives à ...

Le fichier `__main__.py` est noté 9, / 10 avec les commentaires suivants : XXX

et le fichier `support.py` est noté 9, / 10 avec les commentaires suivants : XXX

S'agissant d'un test statique, le code n'est pas exécuté et la performance du code n'est pas prise en compte lors de l'évaluation faite par *pylint*. Ainsi, *pylint* peut reprocher l'utilisation injustifiée de listes compréhensives, sans tenir compte de l'efficacité d'un tel traitement.



## Chapitre 5

# Amélioration des performances

# Conclusion

Ce stage m'a ouvert l'esprit vers le domaine de la bioinformatique et m'a permis de réfléchir à PROBLEME

`mv /home/stephane/.local/lib/python3.6/site-packages/crisprtest /home/stephane/Téléchargements`  
répétition de `pip install`

## 1. LES PRINCIPAUX ÉLÉMENTS DU CODE

dico est composé de la façon suivante :

Un fichier `pkl` tel que `dico_africanum.pkl` est créé par `pickle` et contient un flux d'octets représentant les objets à sérialiser.

`pickle` permet aux objets d'être sérialisés en fichiers sur disque et désérialisés dans le programme au moment de l'exécution.

# Références

- [1] Comas I. et al. *Out-of-Africa migration and Neolithic coexpansion of Mycobacterium tuberculosis with modern humans*, Nat Genet. 45(10) : 1176–1182. doi :10.1038/ng.2744
- [2] Coll F. et al., *SpolPred : rapid and accurate prediction of Mycobacterium tuberculosis spoligo-types from short genomic sequences*, Bioinformatics. 28(22) :2991–3
- [3] Brynildsrud O.B. et al., *Global expansion of Mycobacterium tuberculosis lineage 4 shaped by colonial migration and local adaptation*, 4(10) : eaat5869. doi : 10.1126/sciadv.aat5869
- [4] Driscoll J. R., *Spoligotyping for molecular epidemiology of the Mycobacterium tuberculosis complex*, 551 :117-28. doi : 10.1007/978-1-60327-999-4 10
- [5] Jinek M. et al, *A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity*, 337(6096) :816-21. doi : 10.1126/science.1225829
- [6] Gori A. et al, *Spoligotyping and Mycobacterium tuberculosis*, 11(8) : 1242–1248. doi : 10.3201/1108.040982
- [7] Perry S. et al., *Infection with Helicobacter pylori is associated with protection against tuberculosis*, 5(1) :e8804. doi : 10.1371/journal.pone.0008804
- [8] Perry S. et al, *The immune response to tuberculosis infection in the setting of Helicobacter pylori and helminth infections*, 141(6) : 1232–1243. doi : 10.1017/S0950268812001823
- [9] Xia E. et al., *SpoTyping : fast and accurate in silico Mycobacterium spoligotyping from sequence reads*, 8 :19. doi 10.1186/s13073-016-0270-7
- [10] Dale JW. et al., *Spacer oligonucleotide typing of bacteria of the Mycobacterium tuberculosis complex : recommendations for standardised nomenclature.*, 5(3) :216–9
- [11] Iwai H et al., *CASTB (the comprehensive analysis server for the Mycobacterium tuberculosis complex) : A publicly accessible web server for epidemiological analyses, drug-resistance prediction and phylogenetic comparison of clinical isolates. Tuberculosis.*, 95(6) :843–4
- [12] Demay C. et al., *SITVITWEB - A publicly available international multimarker database for studying Mycobacterium tuberculosis genetic diversity and molecular epidemiology.*, Infect Genet Evol. 12 :755–66
- [13] McGovern Institute Channel, *Genome Editing with CRISPR-Cas9*, <https://www.youtube.com/watch?v=2pp17E4E-08>

- [14] O’Neil M.B. et al., *Lineage specific histories of Mycobacterium tuberculosis dispersal in Africa and Eurasia*, bioRxiv. 10.1101/210161
- [15] Ratovonirina N. H., *Etudes descriptive, épidémiologique, moléculaire et spatiale des souches Mycobacterium tuberculosis circulant à Antananarivo, Madagascar*, Thèse de Doctorat de l’Université Paris-Saclay
- [16] Kamerbeek et al., *Simultaneous detection and strain differentiation of Mycobacterium tuberculosis for diagnosis and epidemiology*, 35(4) : 907–914
- [17] Mendis C. et al., *Insight into genetic diversity of Mycobacterium tuberculosis in Kandy, Sri Lanka reveals predominance of the Euro-American lineage*, International Journal of Infectious Diseases 87 84-91
- [18] ,Gomgnimbou M. K. et al., *Tuberculosis-Spoligo-Rifampin-Isoniazid Typing : an All-in-One Assay Technique for Surveillance and Control of Multidrug-Resistant Tuberculosis on LumineX Devices*, 51(11) :3527-34. doi : 10.1128/JCM.01523-13
- [19] Couvin D. et al., *SpolSimilaritySearch - A web tool to compare and search similarities between spoligotypes of Mycobacterium tuberculosis complex*, 105 :49-52. doi : 10.1016/j.tube.2017.04.007  
<https://packaging.python.org/guides/>  
<https://realpython.com/pypi-publish-python-package/>

# Index

pip, [22](#)  
pyenv, [21](#)

venv, [21](#)