

Ce TP a pour but de prendre en main les différents outils utilisés en routine dans les projets de développement de la plateforme Bioinformatique du LIPM

## I. Normes de Code obligatoires

<http://cati-bbric.toulouse.inra.fr/doku.php?id=normesprogrammation:normesperl>  
Lire les normes de code à utiliser.

## II. LipmUtils

<http://lipm-intranet.toulouse.inra.fr:81/documentations/dokuwiki/doku.php/devpage>

Naviguer dans les Modules/outils partagés par l'équipe.

Les plus importants : **ParamParser.pm**, **General.pm**, **GeneralBioinfo.pm**, **WebBuilder.pm**, **Runner.pm**, **Appli.pm**, **AnotherTemplate.pm** et **LipmObject.pm**.

## III. Mise en oeuvre

### A/ CLI

**[ParamParser.pm + Appli.pm + General.pm + GeneralBioinfo.pm]** Ecrire un script perl aux normes de code, documenté, qui permet à partir d'un fichier FASTA protéique d'exécuter un blast contre une banque définie et fournissant le résultat au format tabulé suivant:

```
#ID_query      ID_target      E-value PMID
```

*Input: sequence(s) protéique(s) au format (multi)fasta*

*Paramètres:*

- *seuil E-value*
- *banque cible (ecoli ou bacsu)*  
*(exemples dans: [http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/formations/developper\\_lipm/db/](http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/formations/developper_lipm/db/))*

*Output: fichier tabulé*

*TODO :*

- Ecrire l'usage du programme en utilisant Appli + ParamParser
- Utiliser les Assertions de ParamParser
- Utiliser les fonctions GetStreamIn/GetStreamOut pour la lecture/écriture de fichiers
- Utiliser Runner pour exécuter le blast
- Utiliser FastaToHash pour récupérer les informations dans un fichier FASTA

### B/ CGI

**[WebBuilder.pm]** Faire un site web dans lequel :

- l'administrateur pourra stocker les résultats générés par le script CLI
- l'utilisateur pourra interroger ces résultats
  - par ID\_query
  - par ID\_target
  - par PMID
  - par E-value
  - par une combinaison de ces critères

i) **[LipmAjax.js]** En fonction du critère de recherche, proposer des valeurs possibles (autocompletion)

ii) **[AnotherTemplate.pm]** Le résultat sera présenté sous forme de table HTML avec des liens vers UniProt (pour ID\_target) et vers PubMed (pour le PMID).

iii) **[YUI]** Le tableau résultat sera triable

---

### C/ EZLucene

Refaire le site web en utilisant EZLucene

<http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/download/EZLucene/>