

ANALYSE BI-POINTS ET MULTI-POINTS

(MIACGH - TP2)

Hicham Lamrini
Camille Grandmougin
Sonya Nassari
Mylène Lancino

DONNÉES FAMILIALES F8-MK16.DON

Qu'est ce que c'est ?

Fichier regroupant l'ensemble des liens de parentés ainsi que les génotypes, et ce pour chaque famille et marqueur associé.

Données disposées en colonnes

(fichier présenté sous format spécifique, nécessaire à sa lecture par le logiciel.)

DONNÉES FAMILIALES F8-MK16.DON

	A	B	C	D	E	F	G	H
1	famille	id	fath_id	moth_id	sex	D15S128	D15S10	D15S986
2	102	1	0	0	1	3 3	1 2	1 1
3	102	2	0	0	2	1 2	1 1	2 3
4	102	3	1	2	2	1 3	1 1	1 2
5	102	4	1	2	1	3 2	1 1	1 3
6	102	5	1	2	2	0 0	1 2	1 2
7	102	6	1	2	2	1 3	1 1	1 2
8	102	7	1	2	2	1 3	1 1	1 2
9	102	8	1	2	1	1 3	1 2	1 2
10	102	9	1	2	1	1 3	1 1	1 2
11	102	10	1	2	2	1 3	1 2	1 2
12	102	11	1	2	1	1 3	1 2	1 2
13	102	12	1	2	2	3 2	1 1	1 3
14	102	13	1	2	2	1 3	1 2	1 2
15	102	14	1	2	2	3 2	1 2	1 3
16	102	15	1	2	1	3 2	1 2	1 3
17	102	16	1	2	1	1 3	1 1	1 2

Numéro de l'individu

Numéro de la famille

Numéro des parents

1 = Homme
2 = Femme

Génotype assigné à chaque marqueur

FICHER “PARAMÈTRES”

Qu'est ce que c'est ?

Fichier regroupant les informations des marqueurs, nécessaires à une analyse de liaison par le logiciel LINKAGE

Données disposées en lignes

FICHER "PARAMÈTRES"

Vue d'ensemble

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	16 0 0 5 << NO. OF LOCI, RISK LOCUS, SEXLINKED (IF 1) PROGRAM								
2	0 0.0 0.0 0 << MUT LOCUS, MUT MALE, MUT FEM, HAP FREQ (IF 1)								
3	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16								
4	8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
5	0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.060000 0.060000 0.060000 << GENE FREQUENCIES								
6	3 7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
7	0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.150000 0.150000 << GENE FREQUENCIES								
8	3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
9	0.5 0.5 << GENE FREQUENCIES								
10	3 6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
11	0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES								
12	3 10 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
13	0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 << GENE FREQUENCIES								
14	3 7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
15	0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.150000 0.150000 << GENE FREQUENCIES								
16	3 5 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
17	0.200000 0.200000 0.2 0.2 0.2 << GENE FREQUENCIES								
18	3 8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES								
19	0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES								

Numéro des
marqueurs .

Ici, il y'ena 16
étudiés.

FICHER "PARAMÈTRES"

Nombre de marqueurs contenus dans le fichier familial

Nombre d'allèles du gène de maladie

Nombre de locus lié(s) au chromosome X

	A	B	C	D	E	F	G
1	16	0	0	5	<< NO. OF LOCI, RISK LOCUS, SEXLINKED (IF 1) PROGRAM		
2	0	0.0	0.0	0	<< MUT LOCUS, MUT MALE, MUT FEM, HAP FREQ (IF 1)		

Fréquence des haplotypes

Taux de mutation en fonction du sexe

Taux de mutation

FICHER “PARAMÈTRES”

Précise que la ligne suivante concerne un marqueur (1 = locus maladie)

Nombre d'allèles

4	3	8	<< ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES																	
5	0.160000	0.160000	0.160000	0.170000	0.170000	0.060000	0.060000	0.060000	<< GENE FREQUENCIES											

Fréquences de chaque allèle du marqueur

FICHER "PARAMÈTRES"

Spécification d'une estimation du taux de recombinaison
différente selon le sexe

Interférence

```
35 0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
36 0 0 << SEX DIFFERENCE, INTERFERENCE (IF 1 OR 2)
37 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 << RECOMBINATION VALUES
38 1 0.10000 0.45000 << REC VARIED, INCREMENT, FINISHING VALUE
```

*Variation d'un
taux de
recombinaison*

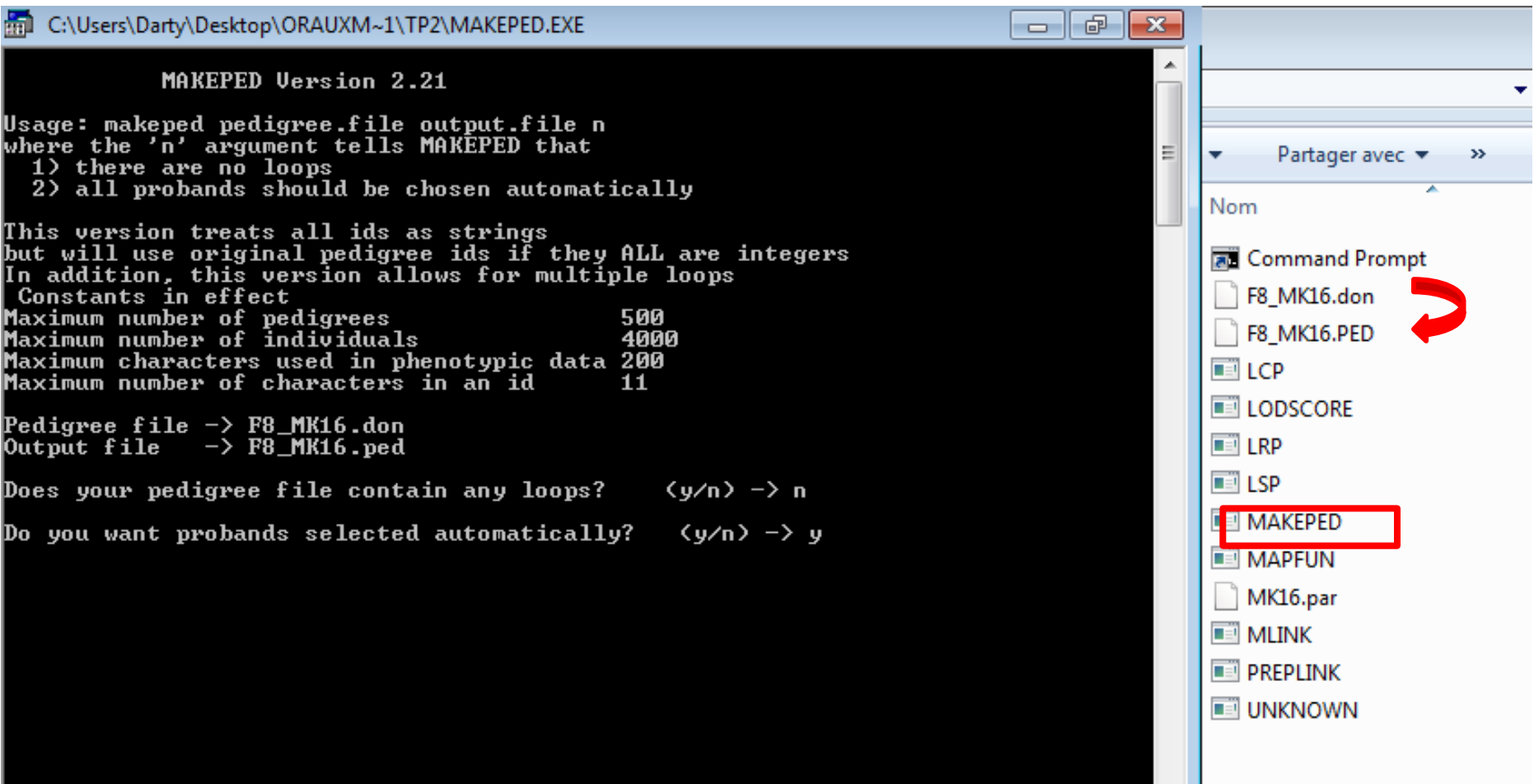
Valeur du pas

*Valeur final du
taux de
recombinaison*

Taux de
recombinaison pour
chaque marqueur

MODIFICATION DU FICHER FAMILIAL

En utilisant le programme MAKEPED, transformez le fichier F8_MK16.don en F8_MK16.ped



The screenshot shows a Windows desktop with two windows. The terminal window on the left displays the output of the MAKEPED program, including its version (2.21), usage instructions, and configuration options. The file explorer window on the right shows a directory containing several files, with 'MAKEPED' highlighted by a red box and a red arrow pointing to it.

```
MAKEPED Version 2.21
Usage: makeped pedigree.file output.file n
where the 'n' argument tells MAKEPED that
  1) there are no loops
  2) all probands should be chosen automatically

This version treats all ids as strings
but will use original pedigree ids if they ALL are integers
In addition, this version allows for multiple loops
Constants in effect
Maximum number of pedigrees          500
Maximum number of individuals        4000
Maximum characters used in phenotypic data 200
Maximum number of characters in an id  11

Pedigree file -> F8_MK16.don
Output file   -> F8_MK16.ped

Does your pedigree file contain any loops?   <y/n> -> n
Do you want probands selected automatically? <y/n> -> y
```

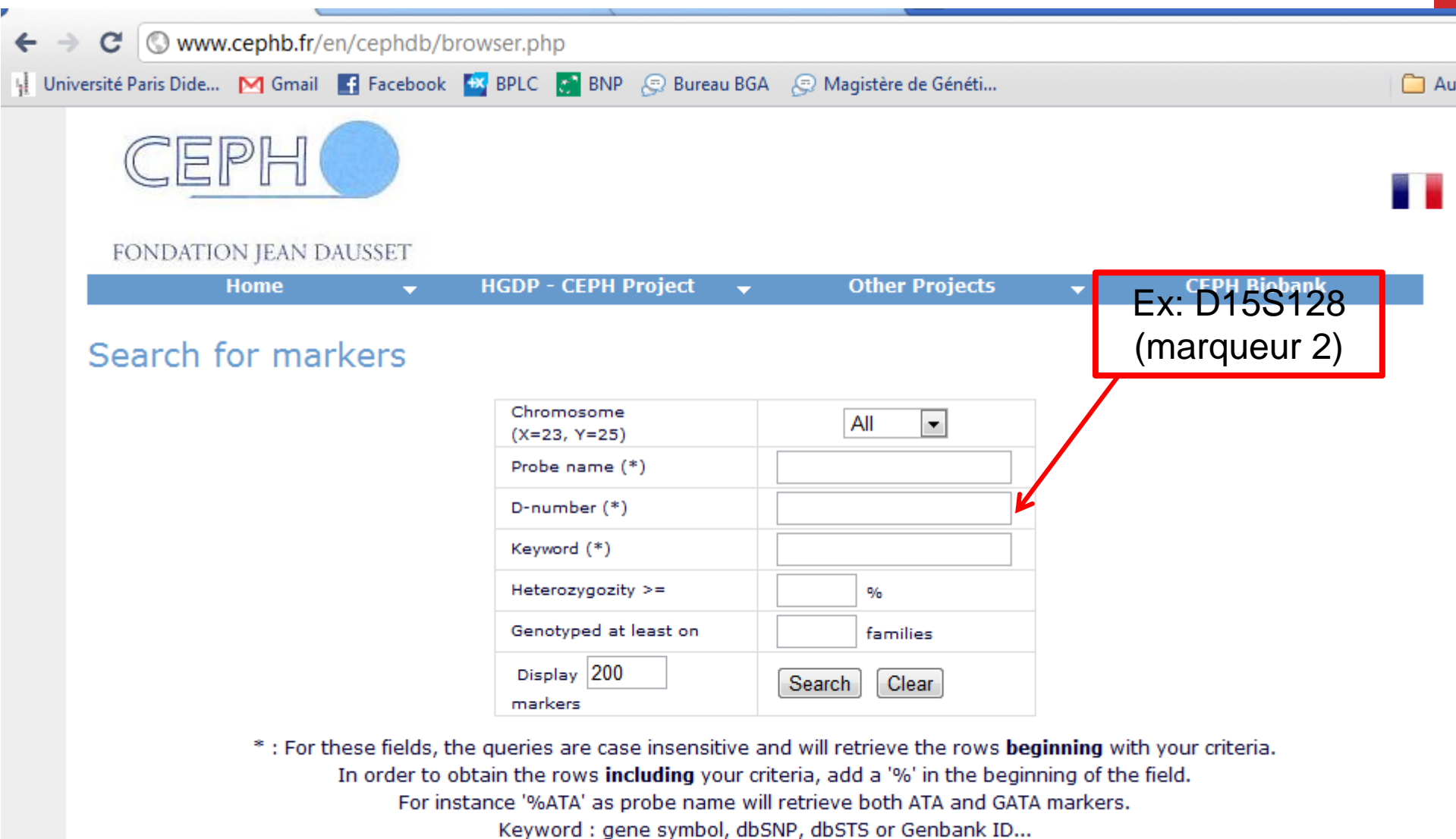
File Explorer contents:

- Command Prompt
- F8_MK16.don
- F8_MK16.PED
- LCP
- LODScore
- LRP
- LSP
- MAKEPED**
- MAPFUN
- MK16.par
- MLINK
- PRELINK
- UNKNOWN

MODIFICATION DU FICHIER PARAMÈTRE

Le fichier MK16.par contient des valeurs de fréquences allélique par défaut, il faut changer ses valeurs avec les valeurs données par le CEPH

Etape 1 : trouvez les fréquences alléliques sur le site du CEPH



www.cephb.fr/en/cephdb/browser.php

Université Paris Dide... Gmail Facebook BPLC BNP Bureau BGA Magistère de Génét...

CEPH

FONDATION JEAN DAUSSET

Home HGDP - CEPH Project Other Projects CEPH Biobank

Search for markers

Chromosome (X=23, Y=25)	All
Probe name (*)	<input type="text"/>
D-number (*)	<input type="text"/>
Keyword (*)	<input type="text"/>
Heterozygosity >=	<input type="text"/> %
Genotyped at least on	<input type="text"/> families
Display <input type="text" value="200"/> markers	<input type="button" value="Search"/> <input type="button" value="Clear"/>

* : For these fields, the queries are case insensitive and will retrieve the rows **beginning** with your criteria.
In order to obtain the rows **including** your criteria, add a '%' in the beginning of the field.
For instance '%ATA' as probe name will retrieve both ATA and GATA markers.
Keyword : gene symbol, dbSNP, dbSTS or Genbank ID...



FONDATION JEAN DAUSSET

Home

HGDP - CEPH Project

Other Projects

CEPH Biobank

Matching systems

CEPH format



PC



Dump

Select all

Select to dump	Chr.	Probe/enzyme system	D-number	NCBI Entrez link	Heterozygosity	# of families
<input type="checkbox"/>	15	AFM273yf9 / (AC)n	D15S128	Z17197	80.77%	8

Number of systems matching your criteria : 1.

Detail for system AFM273yf9/(AC)n system

Chromosome	15
D-number	D15S128
Keyword	Z17197
Heterozygosity	80.77%
Collaborator 42	Dr Jean WEISSENBACH Centre National de Séquençage 2, rue Gaston Crémieux - BP 191 91006 EVRY CEDEX, France Génoscope jsbach@genoscope.cns.fr 33.(0) 1 60 87 25 02 33 (0)1 60 87 25 32

List of markers close to AFM273yf9/(AC)n system

Families (# of genotyped individual)			
102 (15)	1331 (17)	1332 (15)	1347 (16)
1362 (17)	1413 (18)	1416 (13)	884 (16)

Fragment sizes		Allele frequencies	
Fragment	Size (Mb)	Allele	Frequency
1	0.207	1	0.115385
2	0.199	2	0.346154
3	0.201	3	0.211538
4	0.193	4	0.057692
5	0.205	5	0.153846
6	0.203	6	0.076923
7	0.209	7	0.038462

Etape 2 : Remplacez ses valeurs dans le fichier MK16.par Exemple du marqueur 2

```

MK16 - Bloc-notes
Fichier Edition Format Affichage ?
16 0 0 5 << NO. OF LOCI, RISK LOCUS, SEXLINKED (IF 1) PROGRAM
0 0.0 0.0 0 << MUT LOCUS, MUT MALE, MUT FEM, HAP FREQ (IF 1)
  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16
3   8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.060000 0.060000 0.060000 << GENE FREQUENCIES
3   7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.150000 0.150000 << GENE FREQUENCIES
3   2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.5 0.5 << GENE FREQUENCIES
3   6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3  10 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.10000  0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 << GENE FREQUENCIES
3   7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.150000 0.150000 << GENE FREQUENCIES
3   5 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.200000 0.200000 0.2 0.2 0.2 << GENE FREQUENCIES
3   8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3   8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3   8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3   6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3   6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3   2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3   2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3   2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3   2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
0 0 << SEX DIFFERENCE, INTERFERENCE (IF 1 OR 2)
0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000
0.1000 0.1000 << RECOMBINATION VALUES
1 0.10000 0.45000 << REC VARIED, INCREMENT, FINISHING VALUE

```

MK16 - Bloc-notes

Fichier Edition Format Affichage ?

```
16 0 0 5 << NO. OF LOCI, RISK LOCUS, SEXLINKED (IF 1) PROGRAM
0 0.0 0.0 0 << MUT LOCUS, MUT MALE, MUT FEM, HAP FREQ (IF 1)
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16
3 8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.060000 0.060000 0.060000 << GENE FREQUENCIES
3 7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.115385 0.346154 0.211538 0.057692 0.153846 0.076923 0.038462 << GENE FREQUENCIES
3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.5 0.5 << GENE FREQUENCIES
3 6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3 10 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 0.10000 << GENE FREQUENCIES
3 7 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.140000 0.150000 0.15000 << GENE FREQUENCIES
3 5 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.200000 0.200000 0.2 0.2 0.2 << GENE FREQUENCIES
3 8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3 8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3 8 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 0.12500000 << GENE FREQUENCIES
3 6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3 6 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.160000 0.160000 0.160000 0.170000 0.170000 0.180000 << GENE FREQUENCIES
3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
3 2 << ALLELE NUMBERS, NO. OF ALLELES
0.500000 0.500000 << GENE FREQUENCIES
0 0 << SEX DIFFERENCE, INTERFERENCE (IF 1 OR 2)
0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000 0.1000
0.1000 0.1000 << RECOMBINATION VALUES
1 0.10000 0.45000 << REC VARIED, INCREMENT, FINISHING VALUE
```

Fichier modifié!

QUESTION 5 : INDIQUEZ À QUOI SERVENT SES TROIS ÉTAPES POUR EFFECTUER LES ANALYSES DE LIAISONS.

LCP, PEDIN, LRP

NB: Sur un ordinateur personnel:

- Créer un répertoire de travail avec tous les fichiers
- Trouver le programme cmd.exe et le **COPIER** dans le répertoire de travail
- Trouver le programme config.nt, le **COPIER** dans le répertoire de travail
- Ouvrir config.nt avec le bloc note et modifié les dernières lignes pour avoir:

dos=high, umb

device=%SystemRoot%\system32\himem.sys

device=%SystemRoot%\system32\ansi.sys

files=40

-On peut commencer!

-Attention, certain programme fonctionne en anglais (en tout cas sur ordinateur personnel!) le clavier est donc en qwerty!

Ctrl+Z=Ctrl+W

_ = majuscule +)

UTILISATION DE LINKAGE

→ *L'emploi de ce logiciel nous permet de tester l'analyse de liaison entre 2 ou plusieurs marqueurs, par l'utilisation successive de 3 commandes:*

- **Linkage Control Program (LCP)**
 - **PEDIN**
- **Linkage Report Program (LRP)**

LINKAGE CONTROL PROGRAM (LCP)

Cette commande nous permet de créer un fichier de commande prenant en compte les informations décrites dans les fichiers familiales et paramètres

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LCP

LINKAGE CONTROL PROGRAM

Input Files

COMMAND file name [PEDIN.BAT] : PEDIN.BAT
LOG file name [FINAL.OUT] : FINAL.OUT
STREAM file name [STREAM.OUT] : STREAM.OUT
PEDIGREE file name [PEDIN.DAT] : PEDIN.DAT
PARAMETER file name [DATAIN.DAT] : DATAIN.DAT
Secondary PEDIGREE file name [] :
Secondary PARAMETER file name [] :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

F8_MK16.PED

MK16.PAR

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LCP

LINKAGE CONTROL PROGRAM

Pedigree Options
-----

General pedigrees : <-
Three-generation pedigrees :
Experimental cross pedigrees :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LCP

LINKAGE CONTROL PROGRAM

General Pedigree Analysis Options
-----

LODScore : <-
ILINK :
LINKMAP :
MLINK :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

Choisir le type d'analyse a effectuer et faire « entrer »

Les types d'analyses vues en TP

MKLINK

Locus order [] : 1 2 (*ordre des locus*)

Recombination fractions [.1] : 0 (*valeur initiale de θ*)

Recombination varied [1] : 1

*(variation d'un seul taux de recombinaison;
plusieurs régions possibles quand plus de deux loci)*

Increment value [.1] : .1 (*valeur du pas*)

Stop value [.5] : .5 (*valeur finale de θ*)

Calcul du lodscore entre les locus 1 et 2

Pour les valeurs de θ : 0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5

LODSCORE

First locus set [] : 1

Second locus set [] : 2

Male recombination fraction [.1] : .1

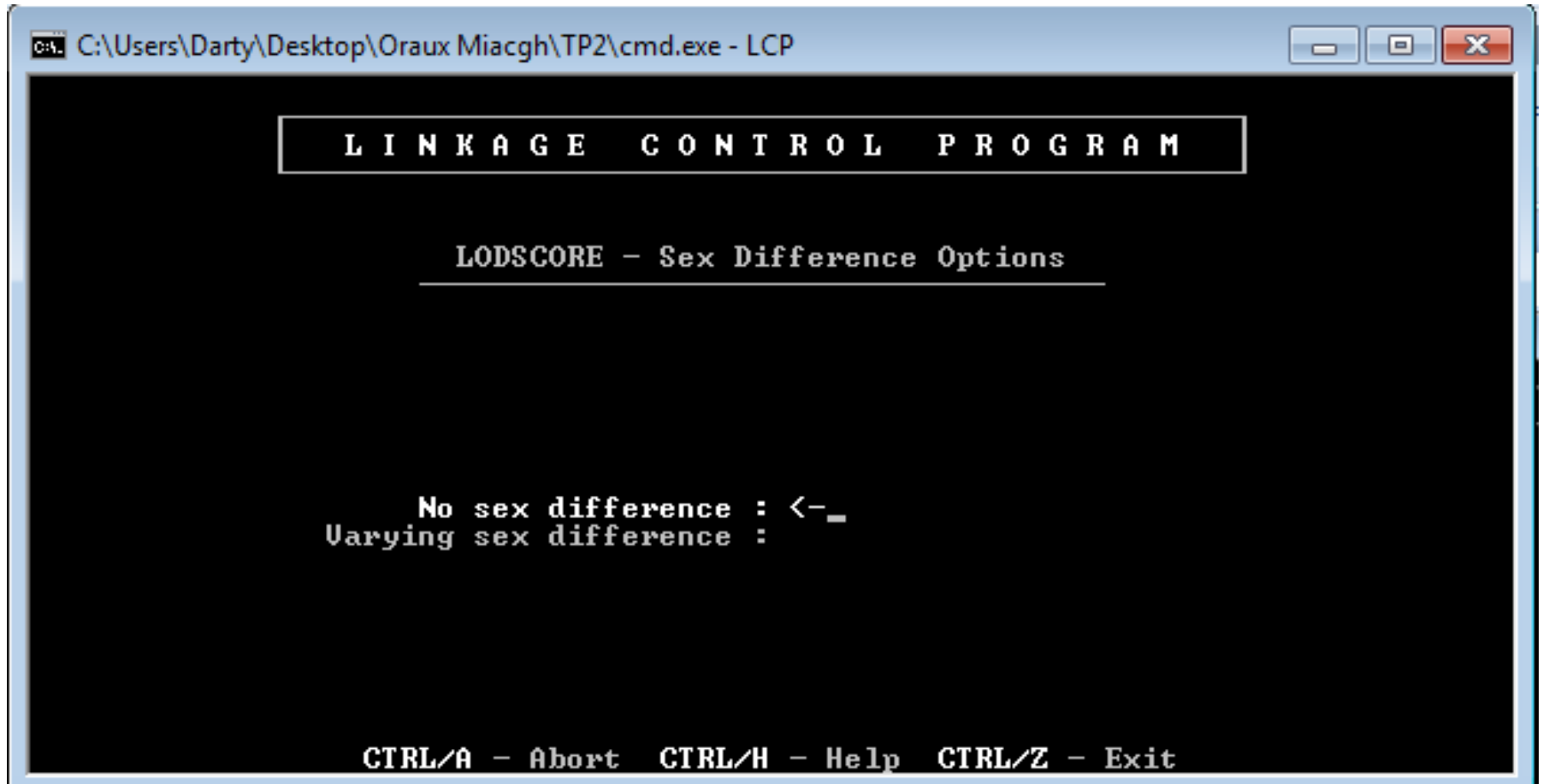
General Pedigrees

LOD SCORE

Recherche de la valeur de θ entre les locus 1 et 2

pour lequel le lodscore est maximum; valeur de ce lodscore

Analyse LODSCORE:



The screenshot shows a Windows command prompt window titled "C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LCP". The window contains the following text:

```
LINKAGE CONTROL PROGRAM

LODScore - Sex Difference Options

No sex difference : <-_
Varying sex difference :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LCP

LINKAGE CONTROL PROGRAM

LODScore - Locus Specification
-----
Command Screen

First locus set [] : 1
Second locus set [] : 2
Male recombination fraction [.1] : .1

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

LOD SCORE

Recherche de la valeur de θ entre les locus 1 et 2 pour lequel le lodscore est maximum

Ce programme donne la valeur de ce θ

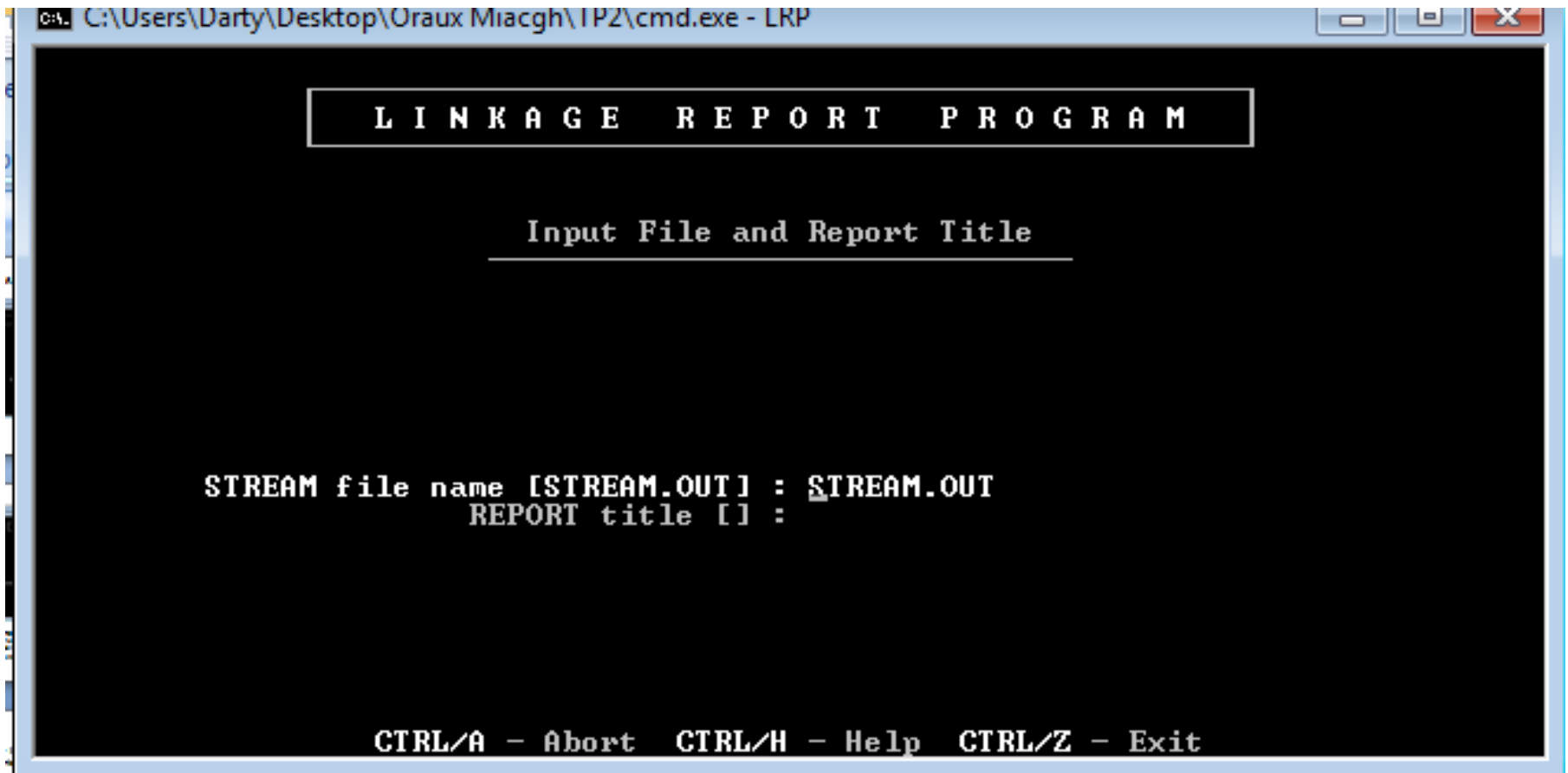
Page down... ici on retourne a la page d'accueil, il faut sortir du programme Ctrl+Z

PEDIN

Cette commande est ce que l'on appelle un "fichier exécutable" qui va permettre de lancer les analyses créées par LCP

LINKAGE REPORT PROGRAM (LRP)

Cette commande récupère l'ensemble des données obtenues par la commande PEDIN, puis les restitue sous une forme "lisible"



```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP

LINKAGE REPORT PROGRAM

Input File and Report Title
-----

STREAM file name [STREAM.OUT] : STREAM.OUT
REPORT title [] :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP

L I N K A G E R E P O R T P R O G R A M

Report Options

General pedigree reports : <-
Three-generation pedigree reports :
Experimental cross pedigree reports :
Full stream file reports :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP

LINKAGE REPORT PROGRAM

General Pedigree Report Options
-----

Two-point lodscore report <LODScore> : <-_
Multi-point order report <ILINK> :
Location score report <LINKMAP> :
Lod table report <MLINK> :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

A cette étape on choisit les résultats que l'on veut visualiser grâce aux flèches de navigation et page down!

On choisi ici LODSCORE car c'est l'analyse que l'on a fait.

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP

LINKAGE REPORT PROGRAM

Two-Point Lodscore Report <LODSCORE> Formats
-----

Table format : <-_
Full format :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP

LINKAGE REPORT PROGRAM

Report Output Options

Output report to the screen : <-
Output report to a file :

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit
```

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - LRP
TWO - POINT LODSCORE REPORT
File: STREAM.OUT                               Screen: 1 of 1
-----
Order      Recomb    Lodscore
-----
  2-12     0.2810    3.66
-----
Enter Command : _
CTRL/A - Abort  CTRL/H - Help  CTRL/Z - Exit  CTRL/R - Return
```

On a les résultats sur la fenêtre de commande on peut également le mettre dans un fichier.

Retour : Ctrl+R

Puis choisir « Output report to a file »

C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - lrp

L I N K A G E R E P O R T P R O G R A M

Report Output Options

Output report to the screen :
Output report to a file : <_

CTRL/A - Abort CTRL/H - Help CTRL/Z - Exit

Page down...

```
C:\Users\Darty\Desktop\Oraux Miacgh\TP2\cmd.exe - lrp

LINKAGE REPORT PROGRAM

Report File Options

REPORT file name [REPORT.TXT] : REPORT.TXT
REPORT page length [60] : 60
REPORT page width [80] : 80
Use form feeds [Yes] : Yes




















CTRL/A - Abort  CTRL/H - Help  CTRL/Z - Exit
```

Mettre le nom du fichier texte que l'on veut (ici report.txt)

Page down...

Retour à l'écran d'accueil!

Sortir du programme grâce à la commande Ctrl+Z

Nom	Modifié le	Type	Taille
 cmd	14/07/2009 03:14	Application	295 Ko
 F8_MK16.don	24/01/2006 17:41	Fichier DON	11 Ko
 F8_MK16.PED	14/03/2011 17:23	Fichier PED	16 Ko
 FINAL.bak	14/03/2011 17:30	Fichier BAK	1 Ko
 FINAL.OUT	14/03/2011 17:32	Fichier OUT	1 Ko
 LCP	24/01/2006 17:39	Application	159 Ko
 LODSCORE	24/01/2006 17:39	Application	141 Ko
 LRP	24/01/2006 17:40	Application	191 Ko
 LSP	24/01/2006 17:40	Application	268 Ko
 MAKEPED	24/01/2006 17:40	Application	43 Ko
 MAPFUN	24/01/2006 17:40	Application	24 Ko
 MK16	24/01/2006 17:41	Fichier PAR	3 Ko
 MLINK	24/01/2006 17:40	Application	115 Ko
 PEDIN	14/03/2011 17:32	Fichier de comma...	2 Ko
 PREPLINK	24/01/2006 17:40	Application	56 Ko
 REPORT	14/03/2011 17:39	Document texte	1 Ko
 STREAM.bak	14/03/2011 17:30	Fichier BAK	1 Ko
 STREAM.OUT	14/03/2011 17:32	Fichier OUT	1 Ko
 UNKNOWN	24/01/2006 17:41	Application	44 Ko

Le fichier est automatiquement créé dans le dossier !
L'ouvrir et contempler votre œuvre!

T W O - P O I N T L O D S C O R E R E P O R T

Report Title :

Report File : REPORT.TXT

Report Date : 19-May-131 03:51:55

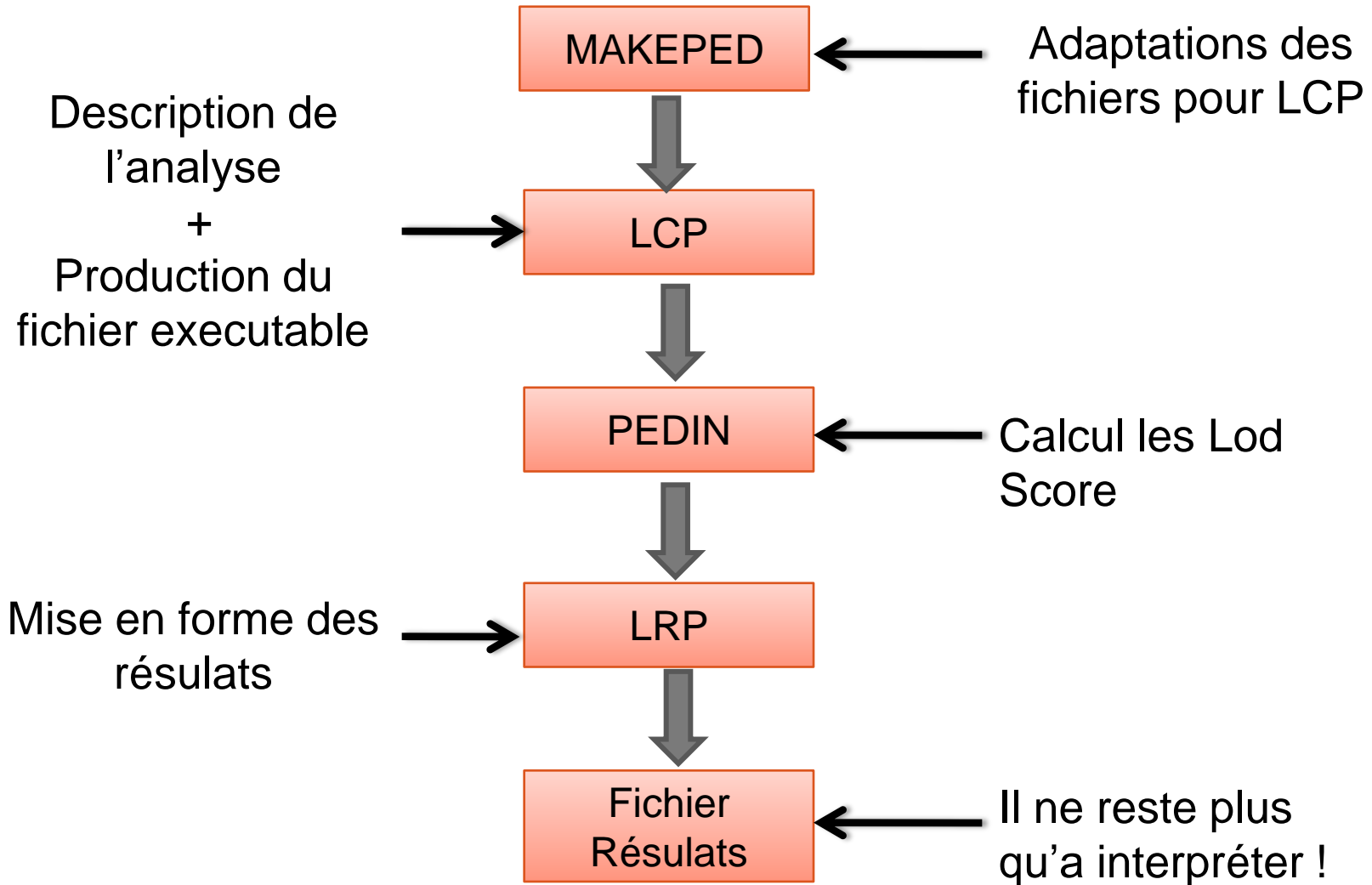
Stream File : STREAM.OUT

Stream Date : 19-May-131 03:45:57

T W O - P O I N T L O D S C O R E R E P O R T Page: 2

Order	Recomb	Lodscore
2-12	0.2810	3.66

CONCLUSION





Merci de votre attention!!