

Interface d'accueil
du programme
« *Python tutor* »

<http://www.pythontutor.com/visualize.html#mode=edit>

Write code in

1

Fenêtre dans laquelle on
colle le texte du script
dans le langage choisi

[Create test cases](#)

[Show code examples](#)

[unsupported features](#)

**Fonctionnalités
rarement
utilisées**

Choix du langage et de sa version

Write code in Python 3.6

mots-clé
comandes
Python

noms des
variables

```
1 def denombre(sequence,nucleotide):           # mot-cle "def" : definit
2     compteur_nucleotide = 0                 # attention a l'indentati
3     for nucleotide_lu in sequence:
4         if nucleotide_lu == nucleotide:     # le symbole "==" est l'o
5             compteur_nucleotide += 1
6     return compteur_nucleotide             # mot-cle "return" : une
7     sequence = raw_input("sequence a analyser : ") # l'utilisate
8     nucleotide = raw_input("nucleotide a denommer : ") # l'utilisate
9     n = denombre(sequence,nucleotide)      # appel de la fonct
10                                           # n = nombre de fois que le nucl
11 print '%s apparait %s fois dans %s' % (nucleotide, n, sequence) #
```

Message d'erreur avec le n° de ligne : dans
cet exemple, il manque les parenthèses
pour la commande "print" en python 3

SyntaxError: invalid syntax (<string>, line 11)

(see [UNSUPPORTED FEATURES](#))

Visualize Execution

Live Programming Mode

Editeur de code

1. Le cas échéant,
correction du script en
fonction du langage choisi.

2. Puis le bouton
« *Visualize Execution* »
ouvre la fenêtre
d'exécution du script.

Bouton qui ouvre la fenêtre d'exécution du
script quand le code de celui-ci est correct

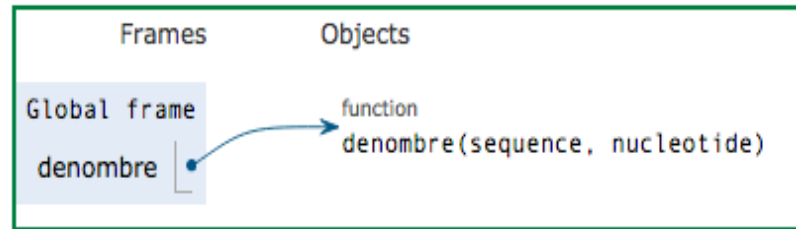
Fenêtre d'exécution du script

Langage et version du script en cours

Python 2.7
([known limitations](#))

```
→ 1 def denombre(sequence,nucleotide):      # mot-cle "def
2     compteur_nucleotide = 0              # attention a
3     for nucleotide_lu in sequence:
4         if nucleotide_lu == nucleotide:  # le symbole "
5             compteur_nucleotide += 1
6     return compteur_nucleotide          # mot-cle "ret
→ 7 sequence = raw_input("sequence a analyser : ") #
8 nucleotide = raw_input("nucleotide a denommer : ") #
9 n = denombre(sequence,nucleotide)      # appel
10                                         # n = nombre de fois
11 print '%s apparait %s fois dans %s' % (nucleotide, n, se
```

Flèche qui indique la ligne en cours d'exécution : dans cet exemple, la commande "raw_input" ouvre la fenêtre ci-dessous



Fenêtre d'affichage des fonctions et des valeurs des variables au fur et à mesure de l'exécution du script

[Edit this code](#)

Retour vers l'éditeur du code pour le modifier

→ line that just executed
→ next line to execute

<< First < Prev Next > Last >>

Boutons d'exécution du script étape par étape (possibilité de revenir ou d'aller à la fin)

Enter user input:

sequence a analyser : Submit

Cette fenêtre s'ouvre à chaque fois que l'utilisateur doit entrer une valeur pour une variable : dans cet exemple, les nucléotides de la séquence (variable "sequence") à analyser

Résultat à la fin de l'exécution du script

Python 2.7
([known limitations](#))

```
1 def denombre(sequence,nucleotide):          # mot-cle "def"
2     compteur_nucleotide = 0                 # attention a
3     for nucleotide_lu in sequence:
4         if nucleotide_lu == nucleotide:    # le symbole "
5             compteur_nucleotide += 1
6     return compteur_nucleotide              # mot-cle "ret
7 sequence = raw_input("sequence a analyser : ") #
8 nucleotide = raw_input("nucleotide a denommer : ") #
9 n = denombre(sequence,nucleotide)          # appel
10                                           # n = nombre de fois
11 print '%s apparait %s fois dans %s' % (nucleotide, n, se
```

[Edit this code](#)

→ line that just executed

→ next line to execute

<< First

< Prev

Next >

Last >>

Done running (30 steps)

Print output (drag lower right corner to resize)

```
sequence a analyser : aaaattyu
nucleotide a denommer : a
a apparait 4 fois dans aaaattyu
```

Contenu des variables à la fin de l'exécution du script

Frames

Objects

Global frame

denombre	
sequence	"aaaattyu"
nucleotide	"a"
n	4

function

denombre(sequence, nucleoti

Les 30 étapes du script ont été exécutées (le nombre d'étapes dépend du nombre de caractères de la variable "sequence")