| **Module** | **Dépendances** |
| --- | --- |
| **config.py** | *Modules standard* : os, logging |
| **error\_correction.py** | *Modules standard* : logging  *Module interne* : dna\_graph.bio.constants |
| **tran\_tran.py** | *Modules standard* : logging  *Modules internes* : config.config (pour PROMOTER, TERMINATION\_SIGNAL), dna\_graph.bio.genetic\_code (pour la conversion codon → acide aminé) |
| **genetic\_code.py** | *Modules internes* : dna\_graph.bio.constants |
| **gene\_expression.py** | *Module interne* : dna\_graph.bio.tran\_tran (pour transcribe et translate) |
| **constants.py** | Null |
| **codon\_graph.py** | *Dépendances internes* : Utilise le dictionnaire GENETIC\_CODE fourni par dna\_graph.bio.genetic\_code |
| **encode\_decode.py** | Null |
| **gene\_contraintes.py** | *Modules tiers* : networkx  *Modules internes* : config.config (pour PROMOTER, TERMINATION\_SIGNAL, MANDATORY\_NODES) |
| **visualization.py** | *Modules tiers* : networkx, matplotlib.pyplot  *Modules internes* : config.config (pour les paramètres graphiques tels que COLOR\_MAP, NODE\_SIZE, etc.) |
| **optimisation.py** | *Modules tiers* : networkx  *Modules internes* : dna\_graph.bio.gene\_expression (pour simulate\_gene\_expression) |
| **init\_graph.py** | *Modules tiers* : networkx  *Modules internes* : dna\_graph.core.graph\_layers (pour assembler les différentes couches du graphe) |
| **graph\_layers.py** | *Modules internes* :  - dna\_graph.bio.error\_correction (pour add\_code\_correcteur)  - dna\_graph.bio.genetic\_code (pour fonctions telles que add\_bases, add\_classification, add\_complementarity, etc.) |
| **main.py** | *Modules standard* : argparse, logging  *Modules internes* :  - dna\_graph.bio.genetic\_code  - dna\_graph.contraintes.gene\_contraintes  - dna\_graph.core.init\_graph  - dna\_graph.core.visualization  - dna\_graph.codec.codon\_graph  - dna\_graph.codec.encode\_decode  - dna\_graph.core.optimisation  - dna\_graph.bio.gene\_expression  - config.config |