

## Week nine report

A partir d'un faux jeu de données, j'ai modifié la visualisation pour que l'on puisse obtenir la représentation hiérarchique des clonotypes. Le format des données n'est pas le même pour la représentation en cercle et celle en arbre j'ai donc implémenté une fonction en javascript permettant de réaliser la représentation en cercle à partir des données au format Newick. J'ai créé un fichier contenant les distances entre les clonotypes pour chacun des clones afin de pouvoir réaliser un heatmap. Je n'ai pas encore réussi à mettre les couleurs correspondant à chacun des clonotypes sur les axes car j'ai un problème de décalage dû au positionnement automatique des labels sur les axes. Lorsque l'on choisit un clonotype en particulier sa séquence s'affiche et on peut la comparer avec les séquences des autres clonotypes. J'ai cependant un problème d'affichage dû à la longueur des séquences. Je travaille aussi sur la visualisation d'un répertoire de 520 clones.