

# Documents de suivi du projet

## Partie 1 :

Quentin :

- Réalisation du MCD et corrections (3h)
- Réalisation de diagrammes d'activité, de cas d'utilisation (2h)
- Participation au document de spécification (4h30)
- Réalisation du script de base SQL (1h)
- Réalisation des fonctions/procédures et triggers (12h)

Nicolas :

- Participation au diagramme CU et corrections (2h)
- Réalisation de scénarios (2h30)
- Réalisation de trigger et de test avec insertion (2h30)
- Réflexion, conception et réalisation de la maquette du site web (12h)
- Participation au document des spécifications (3h30)

Bastien :

- Participation au diagramme CU (1h30)
- Réalisation de scénarios et diagramme d'activité(3h)
- Réalisation de trigger et de test avec insertion (2h)
- Réalisation du script afin de peupler la base de données (4h30)
- Réalisation du README.md (30min)
- Spécifications fonctionnelles et techniques : (4h30)
- Réalisation du cahier des charges (5h)
- Réalisation du rapport individuel (1h30)

Toutes les tâches ont été effectué.

## Partie 2 :

Nicolas :

- Méthode d'estimation des distances
- Méthode de lecture et écriture de fichier ADN
- Méthode de calcul de distance espèce
- Implémentation de l'application terminal
- Rédaction partielle du rapport

Quentin :

- Méthodes de création de séquences aléatoires
- Méthodes de mutations de séquences
- Implémentation de l'algorithme de Levenshtein
- Réalisation des tests
- Rédaction partielle du rapport

Bastien :

- Implémentation de la classe `EspecesHypothetiques` :
- Implémentation de la classe enfant `EspecesAverees` :
- Méthode de calcul de distances entre deux génomes :
- Méthode de calcul des distances entre deux espèces hypothétiques, une espèce hypothétique et avérée :
- Algorithme automatique de création d'arbre phylogénétique :
- Rédaction partielle du rapport
- Rédaction du rapport individuel