

Rapport - Bioinfo

Alexandre Badet, Fanny Belot, Marc Bergdoll, Aurélien Bourgeois, Camille Feller, Stéphane Kastenbaum, Clément Saintier et Jihad Zraibi

Instructions

Pour lancer le programme : lancer le fichier JAR. Le projet n'a aucune dépendance et fonctionne tel quel sur n'importe quelle machine dotée de Java. Pour lancer le programme à partir d'Eclipse, placez-vous dans le package "bioinfo" et dans la classe "Bioinfo", puis cliquez sur la flèche verte.

Lorsque le programme se lance, il procède automatiquement à la **mise à jour de la liste des organismes** disponibles à l'analyse. Cette opération prend environ 5 minutes.

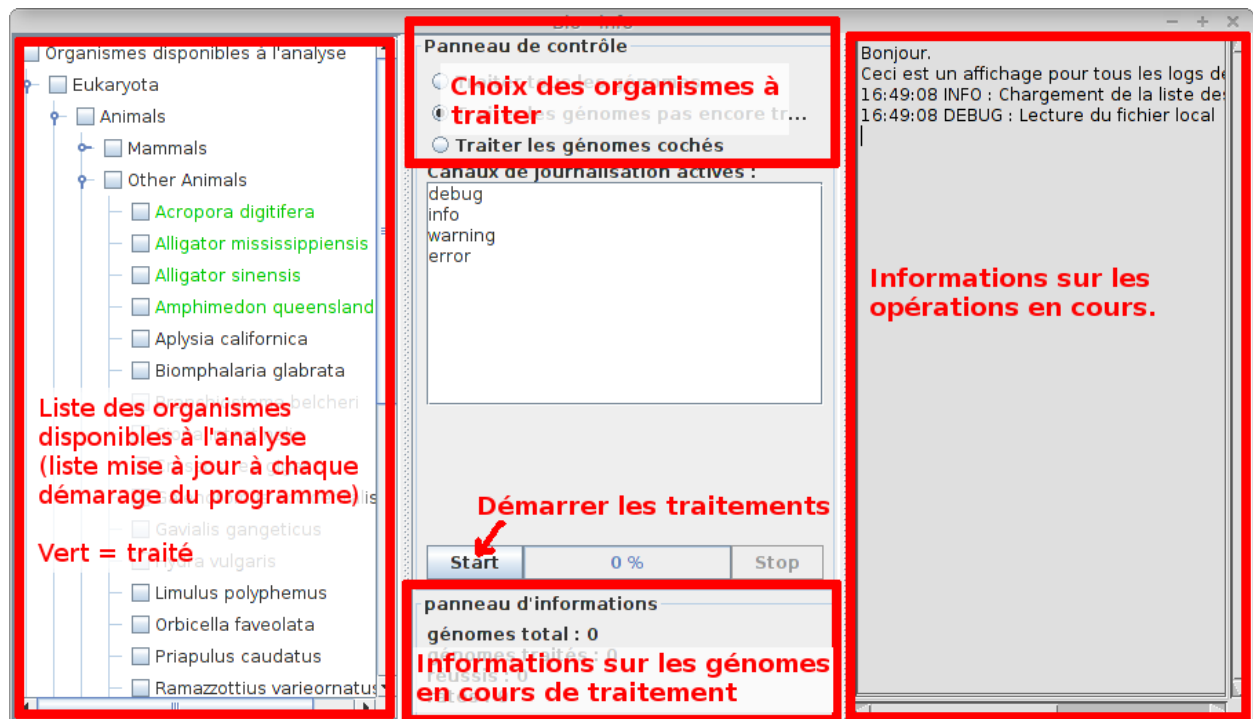
Le programme détecte automatiquement les organismes qui ont déjà été traités, **en analysant l'arborescence** du dossier "Results" : si un fichier XLSX portant le nom d'un organisme est trouvé, cet organisme est considéré comme traité. Les organismes **déjà traités** sont affichés **en vert** dans l'arborescence affichée sur la gauche de la fenêtre.

Vous pouvez ensuite lancer le **traitement des génomes**. Plusieurs options s'offrent à vous :

- Traiter tous les génomes PAS encore traités (option cochée par défaut)
- Traiter les génomes cochés (cochés dans l'arborescence à gauche)
 - pratique pour tester le traitement d'un génome en particulier
- Traiter TOUS les génomes (même ceux qui sont déjà traités)

Vérifiez que vous avez sélectionné la bonne option puis cliquez sur "Start". Le traitement commence. Le "traitement" d'un organisme comprend le **téléchargement** du code génétique, **l'analyse** du code génétique et **l'écriture** du résultat dans un fichier XLSX. Vous pouvez suivre l'avancement grâce à la barre de progression au milieu en bas de la fenêtre, et grâce aux informations en dessous de la barre de progression. À tout moment, vous pouvez interrompre le traitement en cours en cliquant sur "Stop".

Le panneau sur la droite de la fenêtre contient des messages qui vous informent sur les opérations en cours effectuées par le programme.



Arborescence locale et fichiers nécessaires

Le fichier JAR du programme se suffit à lui-même, aucun autre fichier n'est nécessaire à son exécution. Lorsque le programme procède au traitement des génomes pour la première fois, il crée le dossier "Results" et l'arborescence des dossiers à l'intérieur. Le calcul des totaux est effectué une fois que le programme a traité tous les génomes dont on a demandé le traitement.

Classe contenant la fonction "Main"

La classe contenant la fonction "Main" se situe dans le package "bioinfo". Il s'agit de la classe "Bioinfo".