



Gabriel CHANDESRIS

*Projet Tutoré Janvier-Février 2007*

*Licence professionnelle biotechnologie*

*Option bio-informatique*

# Phylogenetik

Conception, développement et tests  
d'un logiciel en java  
pour la construction d'arbres phylogénétiques  
avec une interface graphique

# Conception du programme

- Java et bibliothèque Swing
- Éléments graphiques (JFrame, JPanel, JTextArea, JButton, JTree)
- Évènements (ActionListen)
- Algorithmes de bio-informatique
- Alignement (Smith et Waterman, Needleman et Wunsch)
- Construction d'arbres (UPGMA, NJ)

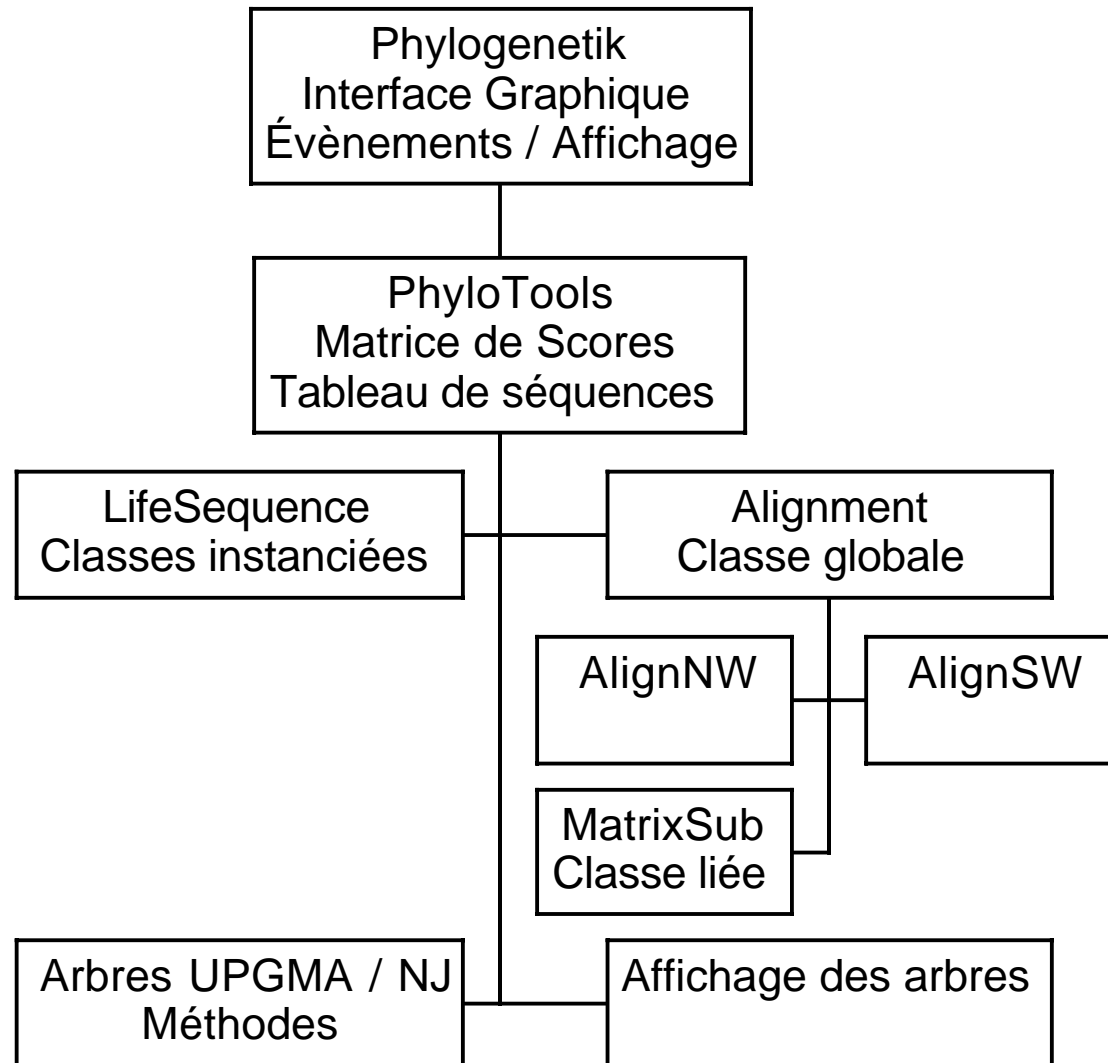
# Implémentation (1)

- Classe LifeSequence
  - Mise en mémoire de séquences
- Classes Alignment, AlignNW, AlignSW
  - Calcul des alignements
  - Reconnaissance de type des séquences
  - Matrice de substitution

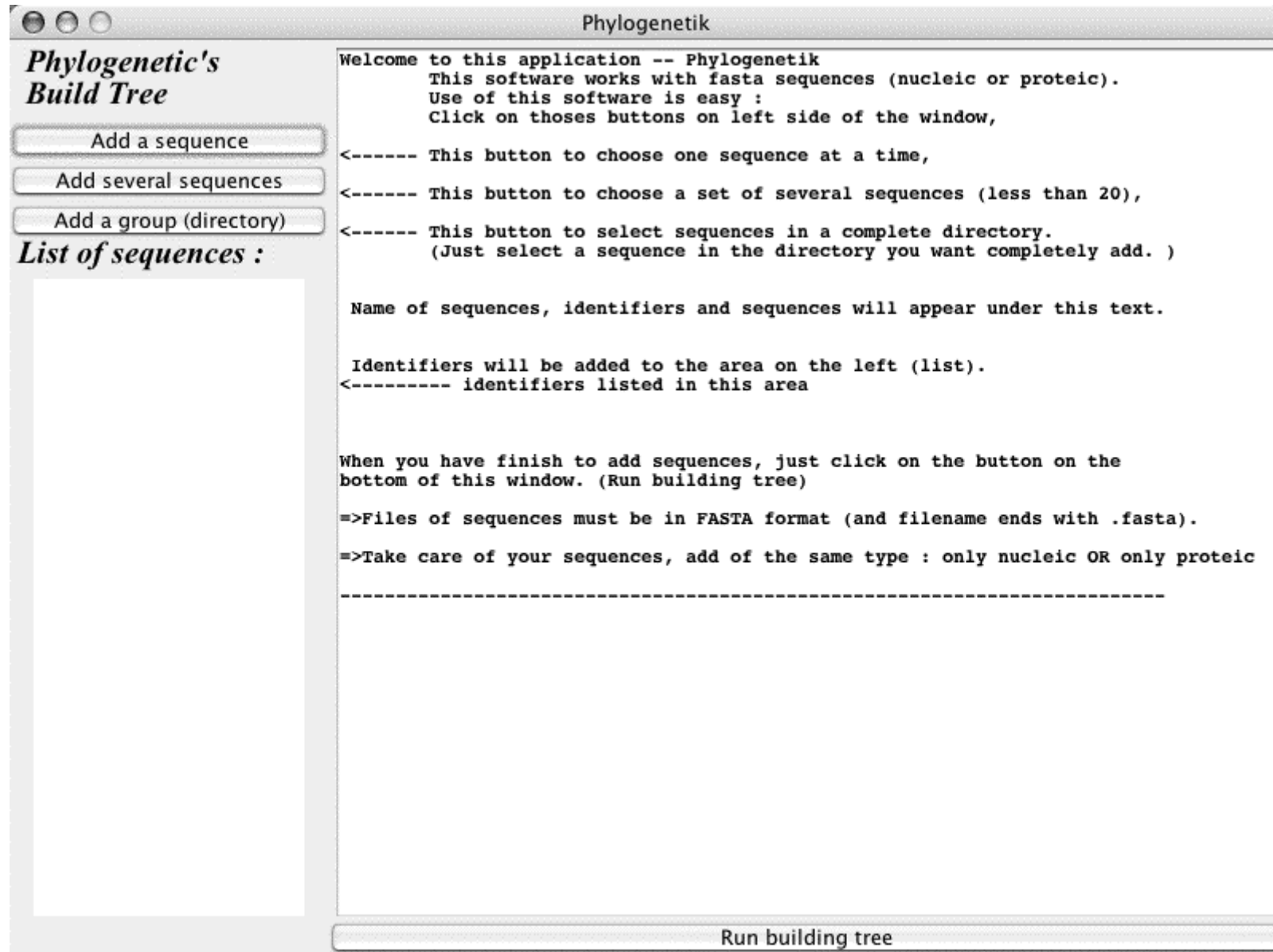
# Implémentation (2)

- Classe PhyloTools
  - Lien vers les autres classes LifeSequence et Alignment
  - Calcul de la matrice de scores
  - Méthodes de construction des arbres

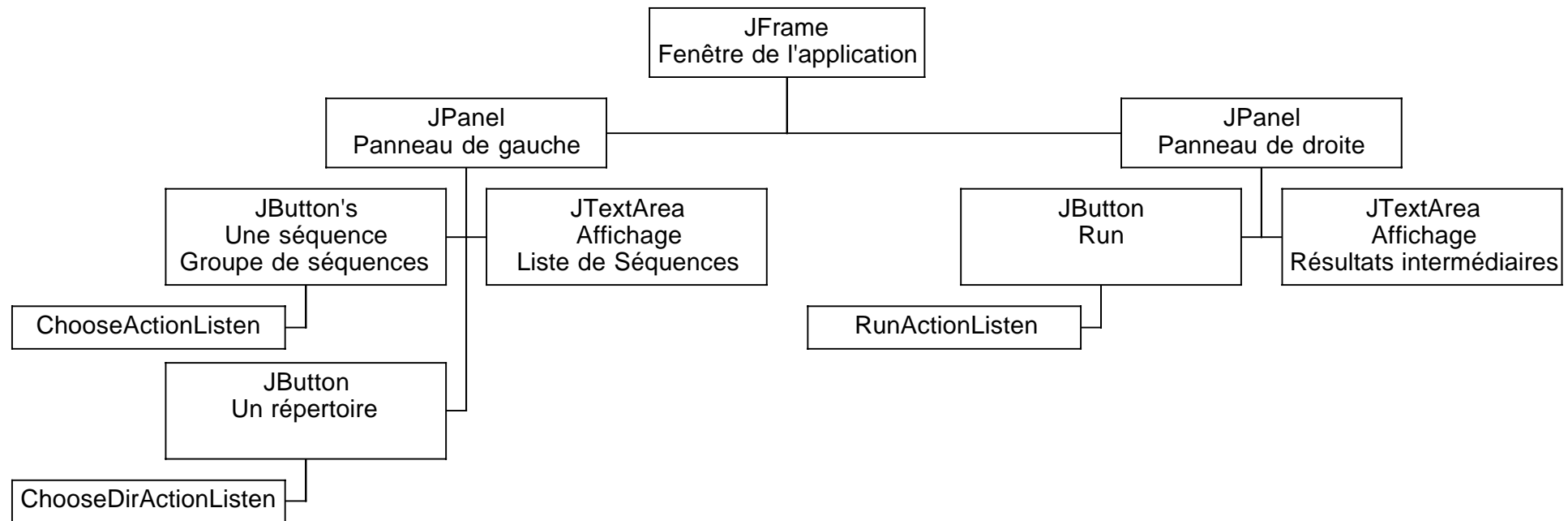
# Implémentation(3)



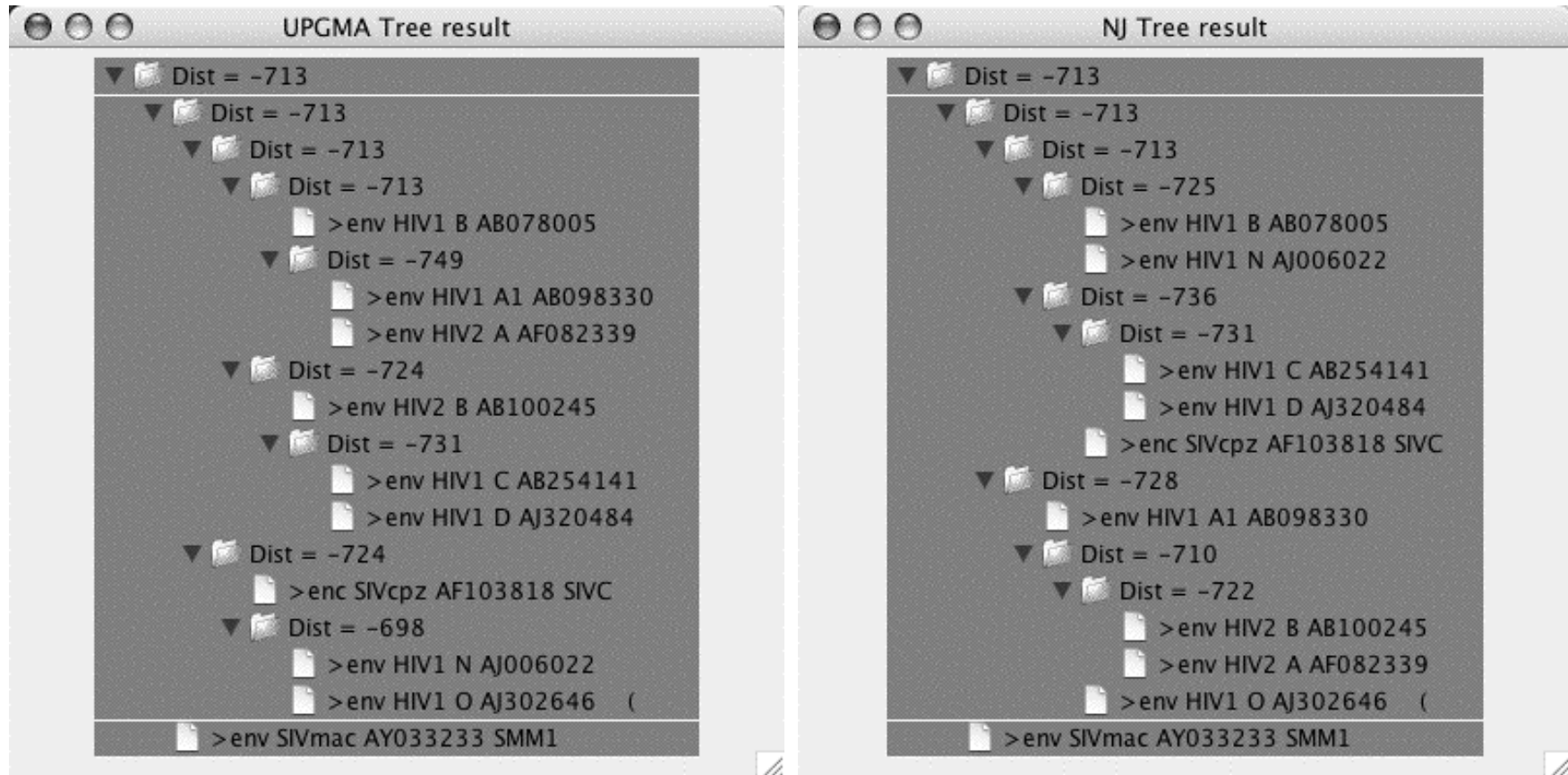
# Interface graphique (1)



# Interface Graphique (2)



# Interface graphique (3)





# Avenir (?)

- Améliorations possibles du programme :
  - Représenter de façon plus classique
  - Enlever une séquence
  - Enregistrer un test complet
  - Implémenter d'autres algorithmes
  - Choisir l'alignement, le gap, l'arbre, la matrice de substitution...
  - ...

# Conclusion

- Conception, tests et déploiement d'un projet,
- Application de concepts de la bio-informatique (outils et algorithmes),
- Programmation de méthodes, d'objets et d'une interface graphique.