AUTEURS :

Nicolas Richard (20015959)

Mathieu Matos (20032753)

Nous avons manqué de temps pour compléter la partie qui rejoins neighborJoining et trouver les distances RF. Avoir eu plus de temps, nous aurions pu compléter les arbres à partir de la fonction neighborJoining et nous aurions appliqué les fonctions de bipartitions ainsi que de la distance RF sur ces arbres. Nous avons afficher des outputs qui démontrent que nos fonctions fonctionnent de manière modulaire, donc chacune individuellement, mais pas ensembles.

Pour ce qui fonctionne, tout ce qui a avoir avec la question fonctionne. La classe de la structure se trouve dans le fichier struct.py et la création de structures à partir de chaines Newick et ce qui concerne les bipartitions ainsi que la distance RF se trouve dans le fichier newick\_binaryTree.py. Tout le reste réside dans ift3295-tp4.py, qui inclus les lectures de fichier rasta et nw, les associations entres noms et valeurs pour les protéines, jusqu’à retourner un arbre binaire avec les protéines respectives.

Pour ce qui est de la question 2 (Détermination de l'arbre NJ), nous arrivons à calculer la matrice de distance entre les séquences filtrées. Nous avons implémenté l'algorithme Neighbor-Joining et nous affichons son déroulement. Nous ne créons cependant pas d'arbre, ce qui nous empêche de continuer plus loin.