



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)

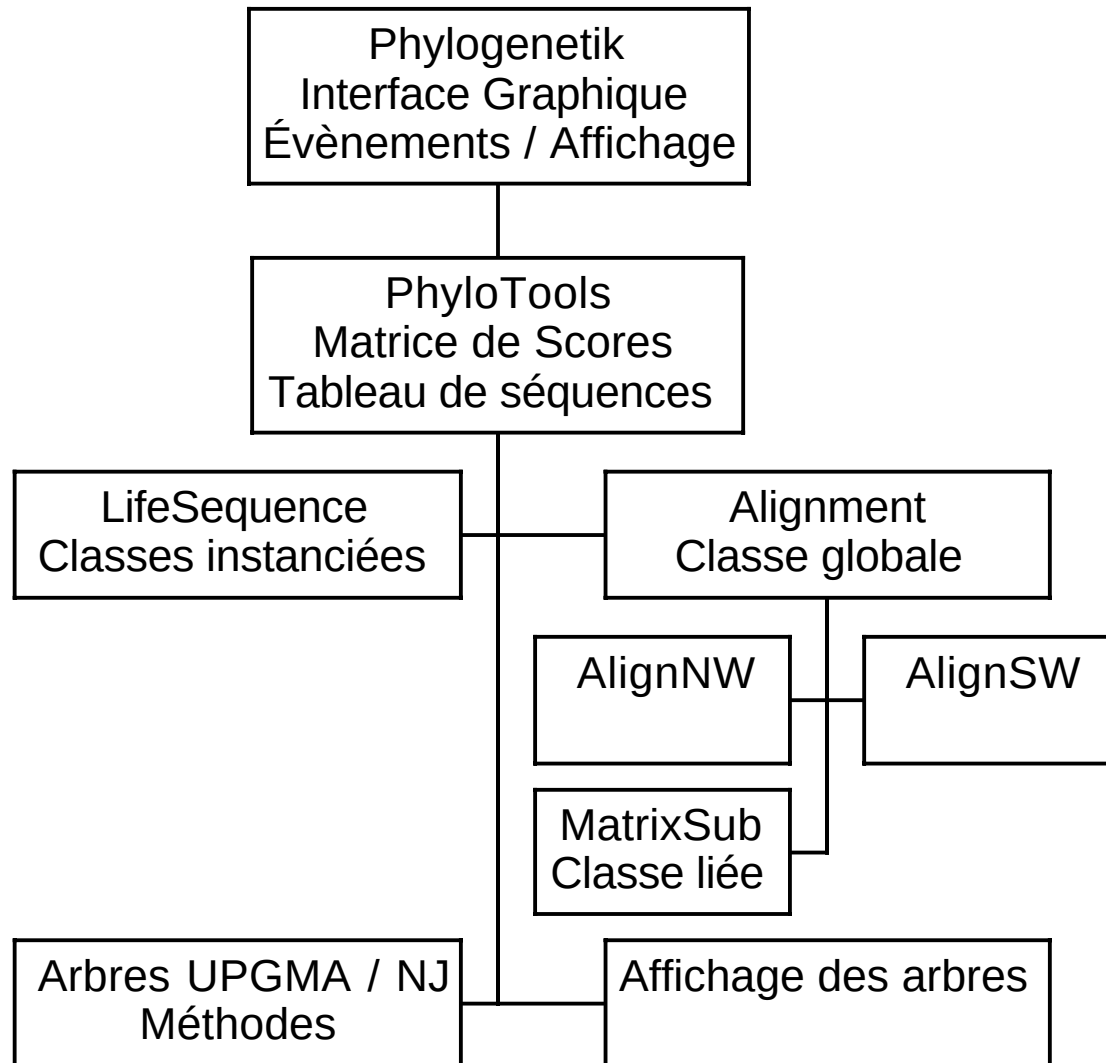
Implémentation (1)

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

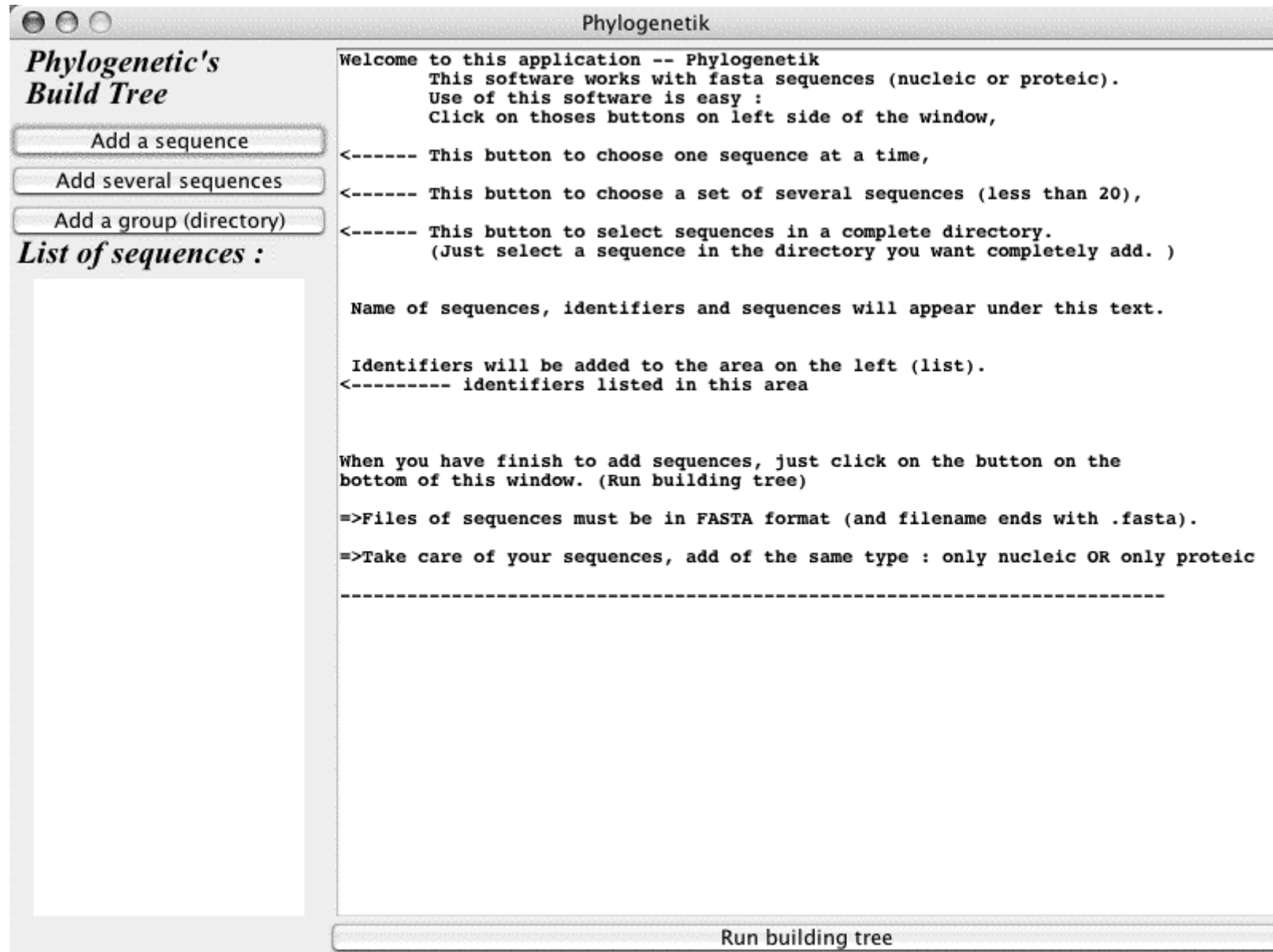
Implémentation (2)

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

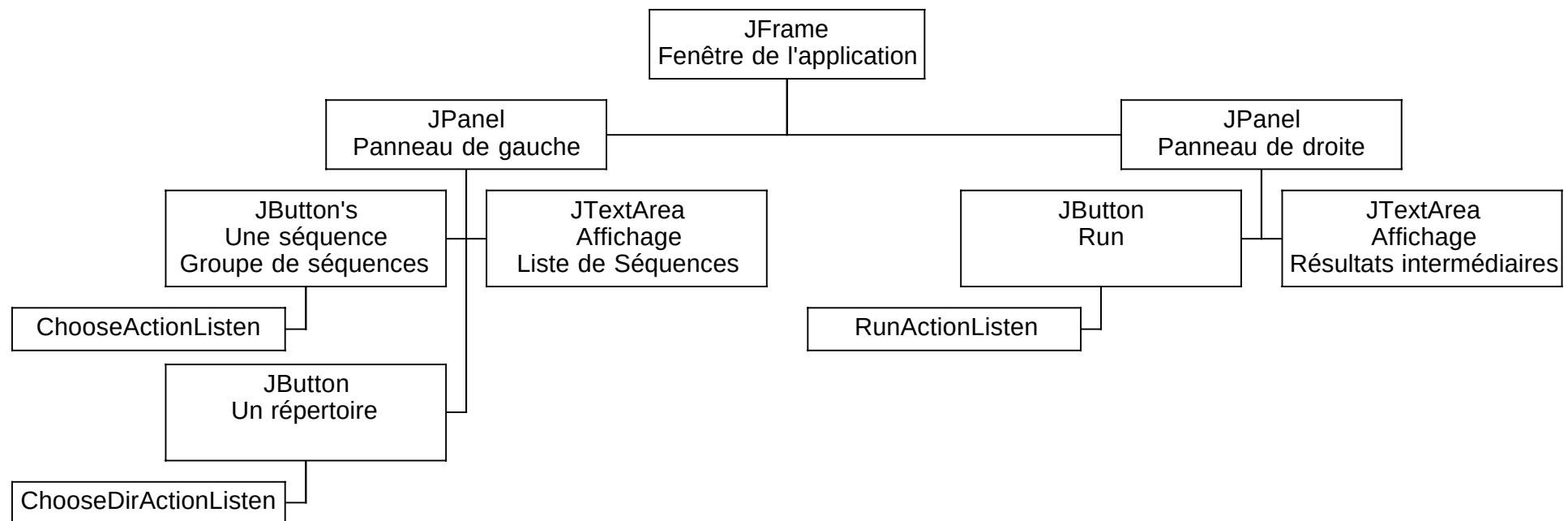
Implémentation(3)



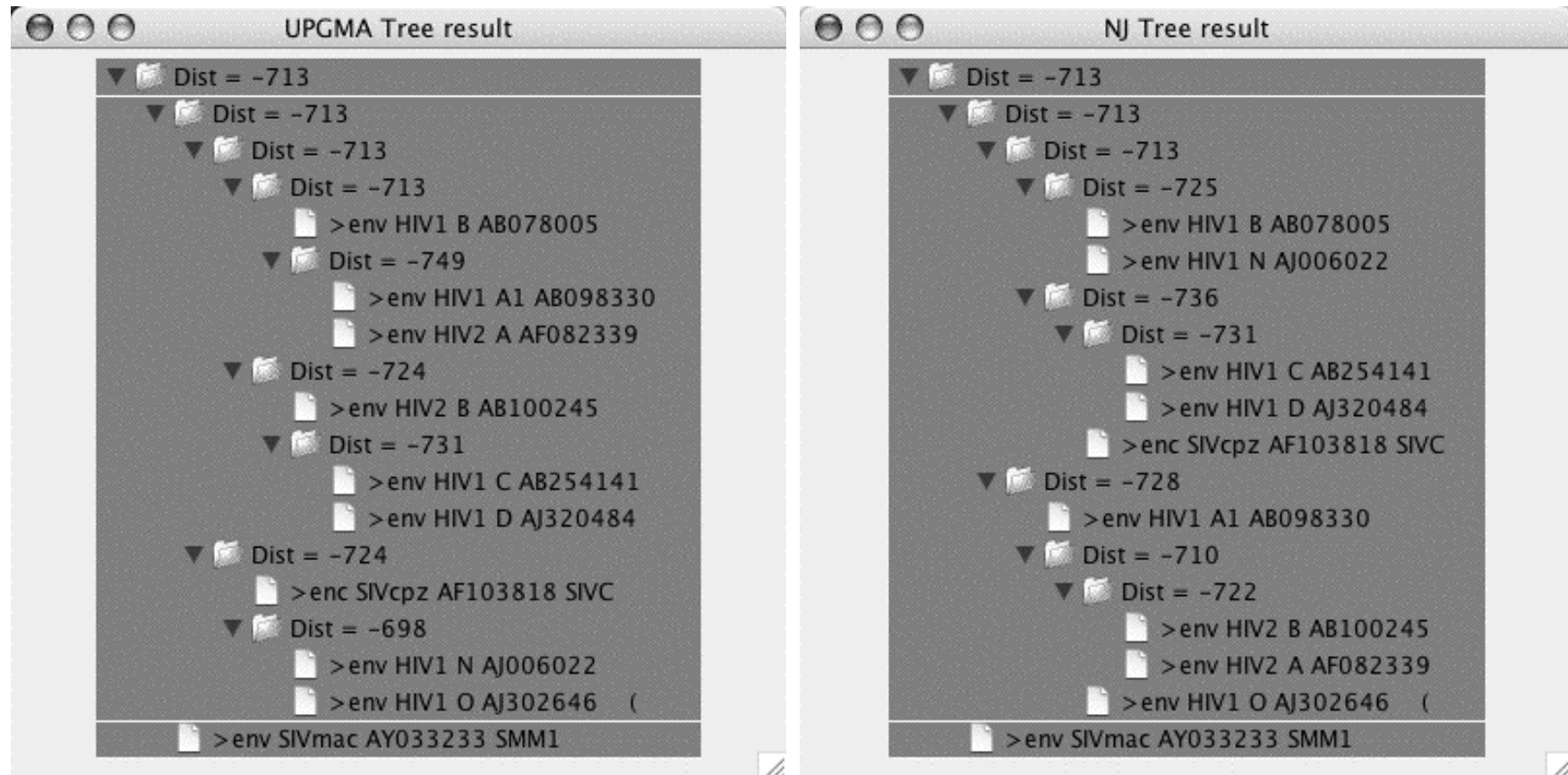
Interface graphique (1)



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.