

État de l'art des plateformes de visualisation d'arbres phylogénétiques et phylogénomiques

CompPhy est une plateforme web collaborative dédiée à la visualisation des arbres phylogénétiques implémentée par l'équipe Méthodes et Algorithmes pour la Bioinformatique (MAB) du LIRMM dont la première version a été publiée en 2014 (Fiorini et al, BMC Evol Biol. 2014) . CompPhy offre de nombreuses fonctionnalités principalement liées à l' édition et la comparaison d'arbres phylogénétiques, la gestion des données et le travail collaboratif.

Une nouvelle version a été développée et est en train d'être mise en production. Nous souhaitons faire un état des lieux des plateformes et outils existants offrant les mêmes fonctionnalités ou des fonctionnalités proches de CompPhy afin de mettre en avant les avantages et inconvénients de la nouvelle version de CompPhy vis vis des plateformes et outils existant et ajouter les fonctionnalités qui sembleraient nécessaires.

Le travail effectué pendant le projet bibliographique consistera donc à :

- faire un état de l'art des plateformes et outils existants offrant les mêmes fonctionnalités ou des fonctionnalités proches de CompPhy,
- identifier des critères de comparaison,
- comparer ces plateformes et outils avec CompPhy en mettant en avant les avantages et inconvénients de chacun
- identifier les fonctionnalités indispensables à ajouter à la nouvelle version

Ce travail de bibliographie pourra se poursuivre par un stage de 2 ou 3 mois pour ajouter des fonctionnalités indispensables à la nouvelle version de CompPhy

Encadrants : Anne-Muriel Arigon (MCF UM, équipe MAB, LIRMM)
Christophe Menichelli (IR, équipe MAB, LIRMM)
Sylvain Milanese (IE, équipe MAB, LIRMM)

Lieu du stage : Equipe MAB
Lirmm

Contact : arigon@lirmm.fr