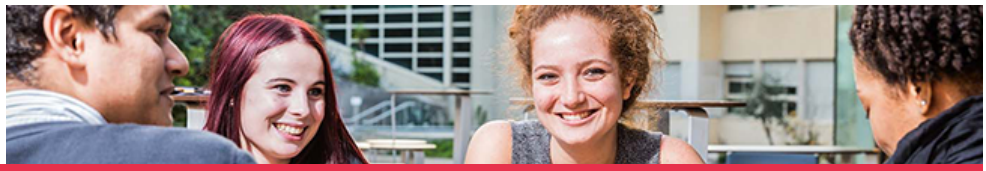

# BioInformatique 2

ECTS
4 crédits

Composante
Faculté des Sciences

# Présentation

## Description

Le but de ce module est dans la continuite# du module HAI109H de fournir des compe#tences pour l'analyse de se#quences d'ADN issues de donne#es ge#nomiques, allant de la lecture des se#quences d'ADN jusqu'a# l'analyse comparative de ces se#quences afin d'en extraire des informations pertinentes, et cela de manie#re automatique via l'utilisation d'une librairie Python de#die#e : BioPython.

## Objectifs

En plus de la pre#sentation de l'algorithme le plus couramment utilise# en bioinformatique (BLAST), les e#tudiants se verront pre#sente#s des outils de gestion de programmation utilise#s en routine dans le domaine comme git et snakemake.

Le programme est le suivant :

* Pre#sentation des principes de se#quenc#age/ assemblage ou comment on ge#ne#re les donne#es biologiques, Comparaison de se#quences (recherche de motifs, alignement, blast),
* Programmation Python/BioPython : objet alignement et blast, Analyse de se#quences complexe en BioPython/ blast,
* versionning et automatisation de processus en biopython : git & snakemake.

Les e#tudiants pourront appliquer les compe#tences acquises a# travers un projet encadre# pour le developpement d'un pipeline pour automatiser la comparaison de se#quences. Ce projet sera initie# durant les se#ances TP.



Informations non contractuelles.
Dernière mise à jour le 01 mars 2023