



# BioInformatique 2



## Présentation

---

### Description

Le but de ce module est dans la continuité du module HAI109H de fournir des compétences pour l'analyse de séquences d'ADN issues de données génomiques, allant de la lecture des séquences d'ADN jusqu'à l'analyse comparative de ces séquences afin d'en extraire des informations pertinentes, et cela de manière automatique via l'utilisation d'une librairie Python dédiée : BioPython.

### Objectifs

En plus de la présentation de l'algorithme le plus couramment utilisé en bioinformatique (BLAST), les étudiants se verront présenter des outils de gestion de programmation utilisés en routine dans le domaine comme git et snakemake.

Le programme est le suivant :

- \* Présentation des principes de séquençage/ assemblage ou comment on génère les données biologiques, Comparaison de séquences (recherche de motifs, alignement, blast),
- \* Programmation Python/BioPython : objet alignement et blast, Analyse de séquences complexe en BioPython/ blast,
- \* versionning et automatisation de processus en biopython : git & snakemake.

Les étudiants pourront appliquer les compétences acquises à travers un projet encadré pour le développement d'un pipeline pour automatiser la comparaison de séquences. Ce projet sera initié durant les séances TP.