| **Fiche projet n°1 : phylogénétique** |
| --- |

| Discipline | SVT |
| --- | --- |

| Niveau | Lycée |
| --- | --- |

| Maître d’ouvrage | [Lionel GUERIN](mailto:l.guerin@ejm.net) |
| --- | --- |

| Maître d’oeuvre | * [Nicholas DIEHL](mailto:nicholasdiehl2006@gmail.com) * [Isabella GASHAROVA](mailto:i.gasharova24@ejm.org) * [Alek EATWELL](mailto:a.eatwell24@ejm.org) |
| --- | --- |

| Objectifs | Réaliser des comparaisons de séquences d’ADN |
| --- | --- |

| Cahier des charges | Réaliser une application ou un site web qui permet de   * charger des séquences d’ADN (ou protéines) * calculer des indices de proximité de séquences d’ADN * tracer un arbre de parenté pour traduire les ‘filiations’   On utilisera le langage Python et des algorithmes de recherche textuelle travaillés en classe |
| --- | --- |

exemple de data en séquence ADN <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_000011.10?from=2159779&to=2161209&report=fasta&strand=true>

exemple de data en séquence protéique

[INS - Insulin - Homo sapiens (Human) | UniProtKB | UniProt](https://www.uniprot.org/uniprotkb/P01308/entry#sequences)