

# jgb53d — 3ème année Polytech Marseille - Programmation et analyse de données

*Denis Puthier, Nicolas Terrapon, Arnaud Sergé*

*2016-2017*

## Enseignants

- Denis Puthier (DP)
- Arnaud Sergé
- Nicolas Terrapon

## Resources

Nom	Lien	Description
JGB53d	<a href="http://pedagogix-tagc.univ-mrs.fr/courses/jgb53d-bd-prog/">http://pedagogix-tagc.univ-mrs.fr/courses/jgb53d-bd-prog/</a>	Site du cours
GNU Bash	<a href="http://www.gnu.org/software/bash/">http://www.gnu.org/software/bash/</a>	Un interpréteur de commandes installé par défaut sur la plupart des environnements Linux.
Python	<a href="https://www.python.org/">https://www.python.org/</a>	Un langage très populaire dans la communauté bioinformatique. Pour ce cours, nous utiliserons la version 3 de Python.
Python	<a href="https://docs.python.org/3.3/">https://docs.python.org/3.3/</a>	Official site for the documentation of the Python langage.
Python	<a href="https://www.python.org/dev/peps/pep-0008/">https://www.python.org/dev/peps/pep-0008/</a>	Un guide concis pour les règles d'écriture en Python.
Style Guide	<a href="http://www.pylint.org/">http://www.pylint.org/</a>	C'est l'ordinateur qui vous note, plus le prof. . .
Pylint	<a href="http://www.python_refcard.com/">http://www.python_refcard.com/</a>	Pour tricher mais pas trop. . .
Python Cheat Sheet		

## Cours théoriques

Vous trouverez ci-dessous des informations portant sur les concepts nécessaires à la réalisation des travaux dirigés.

Nom	Description
Bioinformatique	Les challenges en bioinformatique dans le domaine de la génomique

Nom	Description
Vue d'ensemble du système Unix	Bash, arborescence, commandes de base, redirections, expressions régulières, réseau, exemple d'outils pour la bioinformatique. . .
Premiers pas avec Python	Hello world, manipulation de variables.
Les tableaux en python	Listes, tuples et dictionnaires.
Lire et écrire dans un fichier	la-classe 'file', modes-d'ouverture, fermeture du fichier
Les fonctions	définition et appel, passage d'arguments par noms, variable retour, portée des variables

## Travaux dirigés

Vous trouverez ci-dessous la liste des exercices réalisés.

Nom	Concept présentés
Découvrir le génome humain avec Unix	Quelques statistiques basiques sur le génome humain effectués programmatically via le langage Bash

Nom	Concept présentés
Découvrir le génome avec bedtools	Consolidation des acquis sur les commandes de base. Présentation des commandes Bedtools (sortBed, mergeBed...)
Prise en main du langage avec ipython3	manipulation de variables (int, float, str), listes.
Re- implémentation de la commande cut	Lecture de fichiers, méthodes des objets str, recherche dans l'aide, les listes.
Re- implémentation de la commande head	Lecture de fichiers, méthode sur l'objet file, structure conditionnelle, import du module sys, boucle while, boucle for.
Implémentation d'une commande count.py	Lecture de fichier, boucle for, listes, dictionnaires, module re (regular expression), l'importance du choix des structures de stockage.

Nom	Concept présentés
Implémentation d'un pro- gramme tx_len.py	Structure de fichier, boucle for, dictionnaires, listes, module re (capture de motif), structure conditionnelles.
Implémentation d'un pro- gramme nb_exons.py	Structure de fichier, boucle for, dictionnaires, listes, module re (capture de motif), structure conditionnelles.
Exercice autour des fonctions. Créer des modules Créer un pro- gramme complet appelant les modules	Insertion de fonctions dans le code. création d'un module. Importer les modules dans un programme principal. Appeler ces modules. Créer un analyseur d'arguments
Calculer la taille des cDNAs	Consolider les acquis
Extraire une liste de transcripts ou de gènes	Consolider les acquis.
Enoncé examen 2014-2015	exercice.