

respecter les entrées et les sorties

car ils ont un correcteur automatique
qui évalue la sortie

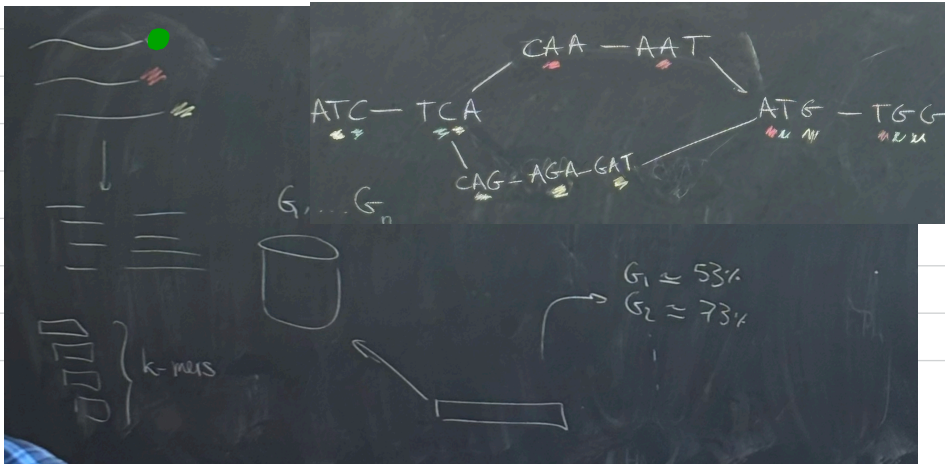
Grande part de notation de la qualité du
rapport et du code

↳ commentaire

↳ nom des variables

↳ en code propre en gros.

Quels attributs ? entrée
sortie



En entrée on nous donne un fichier d'entrée
qui représente un genome entier

↳ on le découpe nous même en kmer

chaque ligne représente un genome.

par contre on sait pas à l'avance
le nb de genome qu'il nous donnera

↳ du coup notre doit être prêt à
accepter $n-kmer$.

↳ génération d'une boucle

Sur la photo du dessus chaque kmer sera associé à une
couleur,

⚠ par rapport à la version naïve la couleur sera mise
à chaque fois.

Dans un premier temps on développera un premier petit code qui permettra de résoudre une requête de 20 n pairs de kars

↳ dans le but de détecter des erreurs lors de la génération du graph

↳ qu'on peut résoudre facilement à la main.

Build = construire le graphe de de Bruijn coloré

Query = interroger le graphe par une ou plusieurs séquences avec un $k \geq 17$.