

UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER

MASTER SCIENCE ET NUMÉRIQUE POUR LA SANTÉ

PARCOURS : BIOINFORMATIQUE, CONNAISSANCE ET DONNÉES

PROJET BIBLIOGRAPHIQUE

Evolution de la métagénomique : comparaison de deux méthodes d'alignement des reads

Mamy ANDRIANTERANAGNA
Promotion 2015-2016

janvier 2016

Sommaire

1	Introduction	1
2	Les algorithmes d'alignement des reads	1
3	Comparaison des deux algorithmes d'alignement	1

1 Introduction

- buts de la métagénomique
- historique et évolution de la métagénomique
- principes de la nouvelle génération de métagénomique
- analyses de données métagénomiques

2 Les algorithmes d'alignement des reads

- principe de la méthode des k-mers contigus
- principe de la méthode des k-mers à graines espacées

3 Comparaison des deux algorithmes d'alignement

- sensibilité-spécificité des analyses
- implémentation, complexité temporelle et spatiale

4 Discussions et Conclusion

- intérêt des deux méthodes aux contextes actuels de l'étude
- perspective