

*Université de Jijel*  
*Faculté des Sciences de la Nature et de*  
*la Vie*

# *Logiciels Libres et Open Source*

**Name: BOUHROUM AYA ET  
BOUTABET MANAR**

**DR: Bensalem Amel**

# INTRODUCTION

Le développement des technologies numériques a favorisé l'essor des logiciels libres et open source, devenus des outils incontournables en sciences de la nature et de la vie. Ces logiciels permettent l'analyse des données biologiques, la modélisation des systèmes complexes et le partage des résultats scientifiques dans une logique de science ouverte et de collaboration. Ce devoir s'inscrit dans cette dynamique et vise à étudier un outil libre à travers une analyse théorique de ses fonctionnalités, de ses aspects techniques, ainsi que de ses avantages et limites. Il comprend également une étude pratique consacrée à l'exploration de la plateforme Zenodo, dédiée à la diffusion et à l'archivage des données scientifiques. À travers la recherche et l'analyse d'un jeu de données réel et l'extraction de ses métadonnées selon des normes reconnues, ce travail a pour objectif de renforcer les compétences méthodologiques et l'autonomie des étudiants dans l'utilisation des outils numériques au service de la recherche scientifique.

## Objectif général

L'objectif de ce devoir est de nous permettre de découvrir et de mieux comprendre l'utilisation des logiciels libres et open source en sciences de la nature et de la vie. À travers l'étude d'un outil scientifique et l'exploration de la plateforme Zenodo, ce travail vise à nous aider à développer nos compétences en recherche d'informations, en analyse de données scientifiques et en organisation des métadonnées, tout en nous familiarisant avec les principes de la science ouverte.

## Partie 1 : Théorique ➡ Étude théorique de Biopython:

Dans le contexte actuel de la bioinformatique et de l'analyse des données biologiques, les outils informatiques jouent un rôle essentiel dans la recherche en sciences de la vie. Parmi ces outils, Biopython s'impose comme l'une des bibliothèques open source les plus utilisées pour le traitement des données biologiques à l'aide du langage de programmation Python.

Biopython est une bibliothèque développée depuis 1999 afin de fournir aux biologistes et bioinformaticiens un ensemble d'outils facilitant l'analyse des séquences biologiques telles que l'ADN, l'ARN et les protéines. Elle permet également l'accès et la manipulation de données provenant de bases de données biologiques majeures comme GenBank, UniProt et la Protein Data Bank (PDB).

Grâce à sa simplicité d'utilisation, sa flexibilité et son intégration avec l'écosystème scientifique de Python, Biopython est largement adoptée dans les domaines de la génomique, de la biologie moléculaire et de la biologie structurale. De plus, la bibliothèque bénéficie d'une communauté active assurant des mises à jour régulières et une documentation complète, ce qui renforce sa fiabilité pour les travaux de recherche académique. En résumé, Biopython constitue un outil performant et accessible pour l'analyse bioinformatique, répondant aux besoins actuels de la recherche en sciences de la nature et de la vie.(1)

### Fonctionnalités principales de Biopython:

Biopython met à disposition un ensemble de fonctionnalités essentielles répondant aux besoins fondamentaux de l'analyse bioinformatique en sciences de la vie :

- **Gestion des séquences biologiques**

Biopython permet la lecture, l'écriture et la manipulation efficace des séquences d'ADN, d'ARN et de protéines à partir de formats standards tels que FASTA et GenBank, tout en conservant les annotations biologiques associées.

- **Alignement et comparaison de séquences**

La bibliothèque offre des outils permettant la réalisation d'alignements de séquences afin d'identifier des similarités, des variations et des relations évolutives entre différentes séquences biologiques.

- **Interrogation des bases de données biologiques**

Biopython facilite l'accès automatisé à des bases de données biologiques de référence telles que GenBank, UniProt et Protein Data Bank (PDB), permettant la récupération rapide et fiable de données biologiques.

- **Analyse des structures moléculaires**

Des modules dédiés permettent la manipulation et l'analyse des structures tridimensionnelles des macromolécules biologiques, notamment les protéines.

- **Automatisation des analyses bioinformatiques**

Biopython s'intègre aisément à l'écosystème scientifique Python, rendant possible l'automatisation de pipelines d'analyse et le développement de workflows reproductibles.

(2)

## Aspects techniques de Biopython

Biopython est une bibliothèque logicielle open source développée en langage Python, ce qui la rend multiplateforme et compatible avec les principaux systèmes d'exploitation tels que Windows, Linux et macOS.

La bibliothèque est distribuée sous licence Biopython License, une licence libre proche de la licence BSD, autorisant l'utilisation, la modification et la redistribution du logiciel à des fins académiques et scientifiques.

Biopython est organisée sous forme de modules spécialisés, chacun étant dédié à une tâche précise telle que la gestion des séquences biologiques, l'alignement, l'accès aux bases de données ou l'analyse des structures moléculaires. Cette architecture modulaire facilite l'extension et la maintenance du logiciel.

L'installation de Biopython est simple et s'effectue principalement via le gestionnaire de paquets pip, ce qui permet une intégration rapide dans les environnements de développement Python. De plus, Biopython est compatible avec d'autres bibliothèques scientifiques majeures telles que NumPy, favorisant ainsi des analyses performantes et reproductibles. (2)

### Points forts de Biopython

Bibliothèque open source et libre d'utilisation, adaptée aux travaux académiques et de recherche.

Facilité de prise en main grâce à la simplicité du langage Python et à une documentation complète.

Large gamme de fonctionnalités couvrant l'analyse des séquences, l'alignement et l'accès aux bases de données biologiques.

Forte intégration avec l'écosystème scientifique Python (NumPy, SciPy), favorisant des analyses efficaces.

Outil largement utilisé et validé par la communauté scientifique, garantissant sa fiabilité.

### Limites et points faibles de Biopython

Performances parfois limitées pour le traitement de très grands volumes de données par rapport à des outils spécialisés écrits en langages compilés.

Nécessite des connaissances de base en programmation Python, ce qui peut constituer un frein pour certains biologistes.

Certaines fonctionnalités avancées reposent sur des outils externes, nécessitant des configurations supplémentaires.

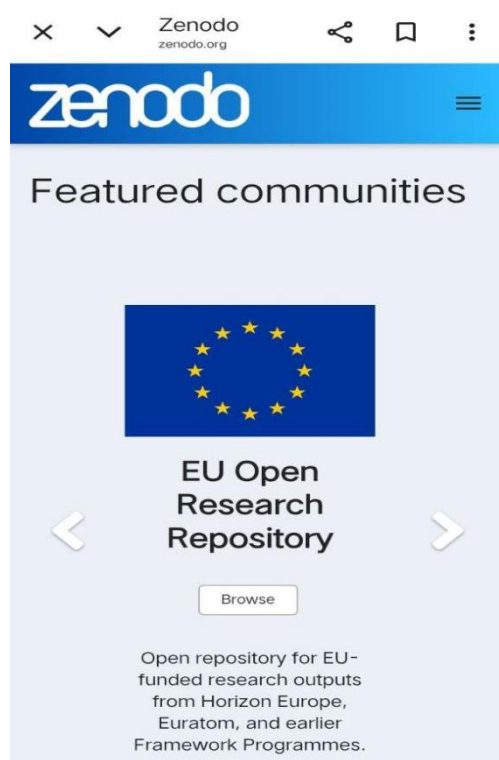
Moins adapté aux analyses graphiques interactives sans l'utilisation de bibliothèques complémentaires. (1)

**En conclusion,** Biopython s'impose comme un outil incontournable en bioinformatique grâce à sa flexibilité, sa richesse fonctionnelle et son intégration efficace avec le langage

Python. Sa capacité à manipuler, analyser et automatiser le traitement des données biologiques en fait une solution particulièrement adaptée aux besoins actuels de la recherche en sciences de la nature et de la vie. Malgré certaines limites liées aux performances sur de très grands volumes de données, Biopython demeure un choix fiable et largement adopté par la communauté scientifique. Ainsi, il constitue un excellent compromis entre accessibilité, efficacité et rigueur scientifique pour le développement d'analyses bioinformatiques reproductibles. (1)

## PARTIE 2 – Étude pratique : exploration de Zenodo:

❖ **zenodo** : Un dépôt scientifique ouvert où les chercheurs peuvent déposer leur recherche. Zenodo crée un identifiant numérique permanent pour chaque soumission afin de la rendre citable. Cette plateforme a été développée dans le cadre du programme européen OpenAIRE et est exploitée par l'organisation CERN .(3)A



A

### ❖ Objectifs de la plateforme :

Zenodo permet le dépôt et le partage des produits de la recherche dans une grande variété de formats (texte, feuilles de calcul, audio, vidéo, images) dans tous les domaines de la science. Un identifiant pérenne (Digital Object Identifier, DOI) est attribué.(4)

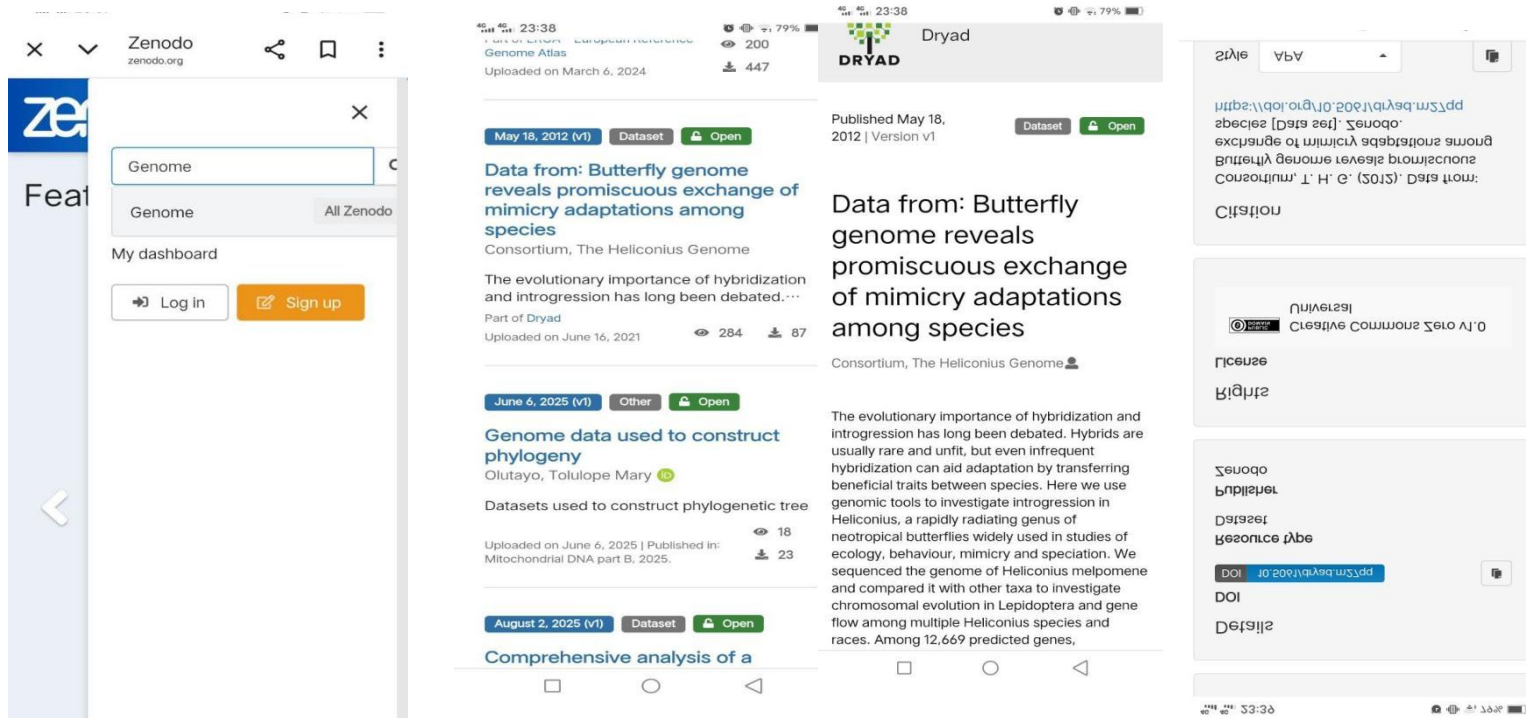
### Interet :

Zenodo est une plateforme de science ouverte qui permet aux chercheurs de déposer et partager gratuitement leurs publications, données et résultats scientifiques avec un

DOI. En sciences de la nature et de la vie, elle facilite le partage des données expérimentales, renforce la transparence et la reproductibilité des recherches, tout en améliorant la visibilité et la valorisation des travaux scientifiques.(3)

## Recherche effectuée :

La recherche a été effectuée sur la plateforme Zenodo en utilisant des mots-clés liés à la génomique et à l'évolution des papillons, notamment : "genome"



## Le dataset été sélectionné selon les critères suivants :

Il s'agit d'un dataset scientifique publié sur Zenodo, une plateforme fiable d'archivage scientifique.

Le dataset est librement accessible (open access).

Il est associé à une étude génomique reconnue sur le genre *Heliconius*, largement utilisé en biologie évolutive.

Le dataset possède un DOI, garantissant sa traçabilité et sa citabilité scientifique.

Les données sont pertinentes pour l'étude de la génomique, de l'évolution et de l'adaptation

## Métadonnées du dataset:

Zenodo ne fournit pas directement les métadonnées au format Darwin Core ou Dublin Core, mais permet leur reconstitution à partir des informations du dataset

## Métadonnées selon Dublin Core:

Élément (Dublin Core)	Valeur
Title	Data from: Butterfly genome reveals promiscuous exchange of mimicry adaptations among species
Creator	The Heliconius Genome Consortium
Subject	Génomique, évolution, papillons, mimicry
Description	Dataset associé à une étude génomique sur les mécanismes d' adaptation et d' échange génétique chez les pap ↓ ns du .genre Heliconius
Publisher	zenodo
Date	2012-05-18
Type	Dataset
Format	Données génomiques
Identifier	DOI: 10.5061/dryad.m27qq
Language	English
Rights	Open access

### Métadonnées selon Darwin Core:

scientific Name	Heliconius melpomene
kingdom	Animalia
phylum	Arthropoda
class	Insecta
order	Lepidoptera
family	Nymphalidae
genus	Heliconius

basisOfRecord	Genomic data
datasetname	Butterfly genom dataset
associatedReferences	Butterfly genome reveals promiscuous exchange of mimicry adaptations among species

## CONCLUSION

**Au terme de ce travail, il apparaît clairement que les logiciels libres et open source constituent des outils essentiels pour la recherche moderne en sciences de la nature et de la vie. L'étude de Biopython a permis de mettre en évidence l'importance des outils bioinformatiques dans l'analyse des données biologiques, tandis que l'exploration de la plateforme Zenodo a souligné le rôle fondamental du partage, de la valorisation et de la réutilisation des données scientifiques. Ainsi, ce travail illustre l'apport des solutions open source dans le développement d'une recherche plus efficace, transparente et collaborative.**

## Référence:

**(1):**Biopython – Documentation officielle :

<https://biopython.org/>Cock P.J.A. et al., 2009. Biopython: freely available

Python tools for computational molecular biology and bioinformatics.

Bioinformatics, 25(11), 1422–1423.

<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp163>

OUP Academic (<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp163>)

Biopython: freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics

**Abstract. Summary:** The Biopython project is a mature open source international collaboration of volunteer developers, providing Python libraries for a wide rang

**(2):**Chapman B., Chang J., et al., 2023.Biopython Tutorial and Cookbook.

Biopython Project. <https://biopython.org/DIST/docs/tutorial/Tutorial.html>

**(3):**European Organization for Nuclear Research & OpenAIRE. (2013).

Zenodo. CERN. <https://doi.org/10.25495/7gxx-rd71> 

**(4):**.CNRS, & Inist. (n.d.). Cat OPIDoR: Catalogue des services dédiés aux données de la recherche. <https://cat.opidor.fr/>