



LABORATOIRE DE BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE ET LA BIODIVERSITÉS

Master de bioinformatique - ingénierie de plate-forme en biologie
UNIVERSITÉ DE PARIS

Rapport d'alternance

Gestion informatique des données de séquençage

25 janvier 2022

William Amory
sous la responsabilité de Frédérick Gavory



Table des matières

1	Introduction	2
1.1	LBGB au sein du Genoscope et du CEA	2
2	Ojectifs	3
3	Méthodes	3
4	1^{er} Résultats	3
5	Conclusion et Perspectives	3
	References	4

1 Introduction

1.1 LBGB au sein du Genoscope et du CEA

Le Genoscope (CNS¹) a été créé en 1996 pour participer au projet mondial de séquençage du génome humain (*Human Genome Project*) qui a débuté en 1988 et c'est terminé en 2007, notamment dans l'objectif de séquencer le chromosomes 14 humain. Lors de sa création le genoscope a également été missionné de développer un programme de génomique en France dans le cadre du projet France génomique. Le laboratoire de bioinformatique pour la génomique et la biodiversité (**LBGB**) fait partie du genoscope qui est une direction de l'institut François Jacob (Jacob) de la direction de la recherche fondamentale (**DRF**) du Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies (**CEA**), comme on peut l'observer sur l'organigramme de la figure 1 qui situe le laboratoire au sein du genoscope et de CEA.

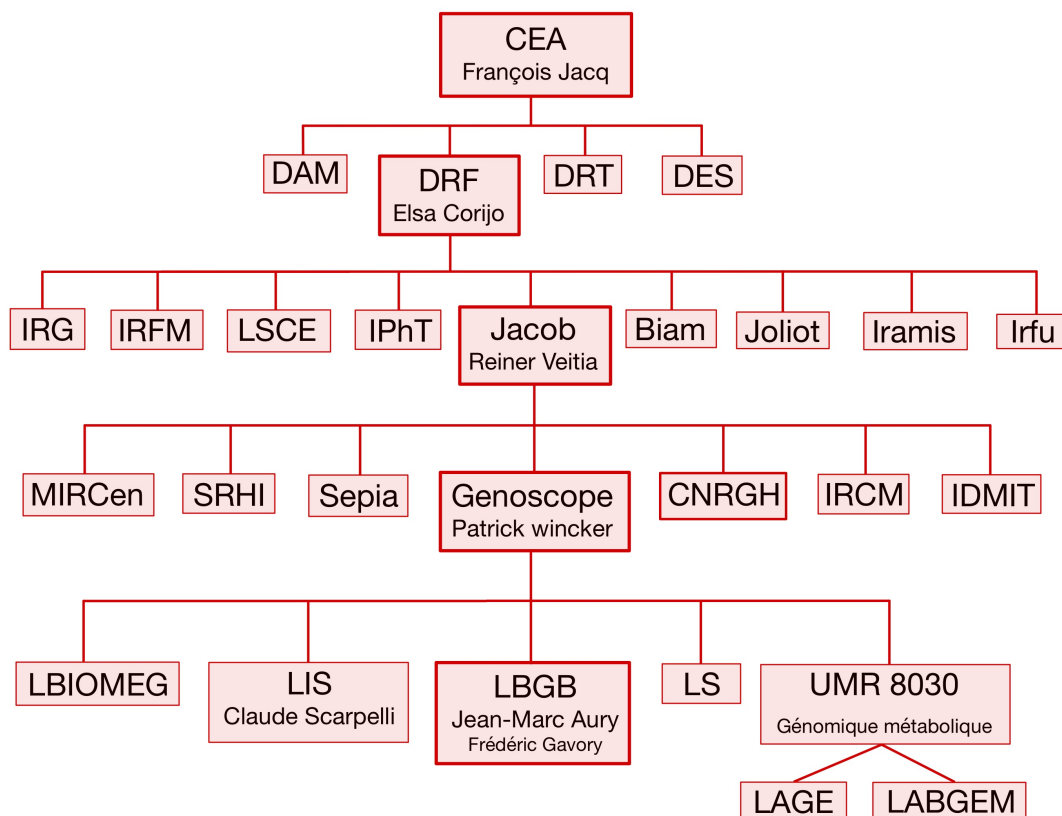


FIGURE 1 – Organigramme situant l'équipe du Laboratoire de Bioinformatique pour la Génomique et la Biodiversité (LBGB) au sein du genoscope et du CEA

1. Centre National de Séquençage

2 Ojectifs

3 Méthodes

4 1^{er} Résultats

5 Conclusion et Perspectives

Références

- [1] BCL Convert.
- [2] BCL Convert Software Guide v3.7.5 (1000000163594). page 22.
- [3] bcl2fastq2 Conversion Software v2.20 Software Guide (15051736). page 27.
- [4] The Comprehensive Perl Archive Network - www.cpan.org.
- [5] perl - The Perl 5 language interpreter - Perldoc Browser.
- [6] J. Patterson, E. J. Carpenter, Z. Zhu, D. An, X. Liang, C. Geng, R. Drmanac, and G. K.-S. Wong. Impact of sequencing depth and technology on de novo RNA-Seq assembly. *BMC Genomics*, 20(1) :604, July 2019.