



Introduction à Perl pour la bioinformatique

- Author : James D. Tisdall
- Publisher : O'Reilly Media, Inc., 2002
- pages : 382 pages
- N° Class : 621/311

Les dernières avancées majeures en biologie, tels le succès récent du " projet génome humain " (HGP) ou l'accumulation de séquences génomiques complètes, témoignent de la contribution majeure de l'informatique à l'évolution de la biologie, comme ce fut hier le cas pour la physique ou l'astronomie. Avec l'essor de la bio-informatique, les biologistes souhaitent de plus en plus ajouter la programmation à leurs compétences. Ce livre est une introduction pratique à la programmation en Perl pour les biologistes. Perl excelle dans les fonctions indispensables à cette discipline : traitement de chaînes de caractères, mise en réseau, possibilité de piloter d'autres programmes et prototypage rapide. Cet ouvrage ne nécessite aucune connaissance préalable de la programmation. Il envisage la programmation comme un outil à part entière et désormais indispensable de la recherche en biologie. Dans les premiers chapitres, les principaux concepts sont soigneusement expliqués afin de donner au lecteur une base solide. La programmation est ensuite abordée du point de vue de la biologie et quelques programmes répondant aux principaux besoins d'un laboratoire sont décortiqués. Cette méthode permet de fournir d'une part des programmes clé en main et d'autre part les moyens d'écrire des applications plus spécifiques ou d'adapter un programme existant. Au fur et à mesure du livre les notions de programmation et les problèmes abordés se complexifient. Des exercices d'application sont proposés en fin de chapitre. Après avoir lu ce livre, le lecteur aura des bases solides en Perl et disposera d'un, ensemble de programmes concrets comme l'analyse de données provenant de GenBank ou issues de BLAST. Les thèmes suivants sont abordés : Concepts fondamentaux de la programmation en Perl manipulation des séquences d'ADN et des chaînes de caractères modularisation et débogage du code ; reconnaissance de motifs à l'aide d'expressions régulières simulation de mutations génétiques à l'aide de générateurs de nombres aléatoires gestion des fichiers au format FASTA ; cartes de restriction et expressions régulières analyse et annotation de séquences ou de structures provenant de banques de données biologiques (GenBank, PDB) ou de résultats fournis par BLAST. Cet ouvrage servira de tremplin aux biologistes qui, néophytes en programmation, pourront rapidement progresser et réussir leurs projets. Les informaticiens désireux de s'initier à la bio-informatique y trouveront un aperçu de la problématique de cette discipline.