

Maladies infectieuses et programmation Perl



Niveau d'étude
BAC +4



ECTS
3 crédits



Composante
École
d'ingénieur
Denis Diderot



Période de
l'année
Semestre 1

En bref

- › **Langue(s) d'enseignement:** Français
- › **Méthode d'enseignement:** En présence
- › **Forme d'enseignement :** Cours magistral & Travaux pratiques
- › **Ouvert aux étudiants en échange:** Oui

Présentation

OBJECTIFS

S'initier à un nouveau langage de programmation dédié au traitement des chaînes de caractères, des entrées/sorties et des expressions régulières.

La génomique en forte expansion dans le monde la bio-informatique nécessite le traitement big data de chaîne de caractère.

SYLLABUS

Enseignement mutualisé avec les biologistes pour permettre un croisement des compétences.

Les données biologiques aujourd'hui sont produites sous forme de textes qu'il faut passer dans un premier temps pour en extraire des mots qu'il faudra ensuite analyser. Le langage

Perl, créé pour l'édition de fichiers, est dans ce sens un outil efficace pour le bioinformaticien.

Durant ce cours, il sera enseigné les structures de données, les structures de contrôle, la façon de construire des fonctions simples, la gestion des fichiers en ouverture en écriture et les expressions régulières. A la fin de cette semaine d'initiation, les étudiants devront être capable d'écrire des scripts perl pour gérer de questions biologiques simples.

S'initier à un nouveau langage de programmation dédié au traitement des chaînes de caractères, des entrées/sorties et des expressions régulières.

La génomique en forte expansion dans le monde la bio-informatique nécessite le traitement big data de chaîne de caractère :

- Introduction à Perl
- Les types de données.
- Les structures de contrôles
- La gestion de fichier
- Les expressions régulières.

Selon le niveau des étudiants, nous aborderons en plus : savoir utiliser les bibliothèques dédiées au langage perl, travailler autour d'expressions régulières complexe et commencer la programmation orienté objet, apprendre à programmer des interfaces utilisateurs.

Pour en savoir plus, rendez-vous sur > u-paris.fr/choisir-sa-formation

- Expression régulières avancées
- Interface utilisateur PerlTk, orienté objet
- Des multiples bibliothèques : Bioperl, orienté objet.

En bref

LIEU(X)

- › Campus des Grands Moulins

Pour en savoir plus, rendez-vous sur > u-paris.fr/choisir-sa-formation