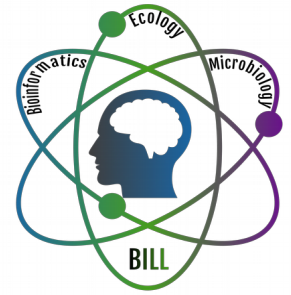
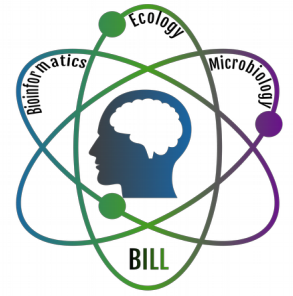


Projet BILL2 - pangénomique

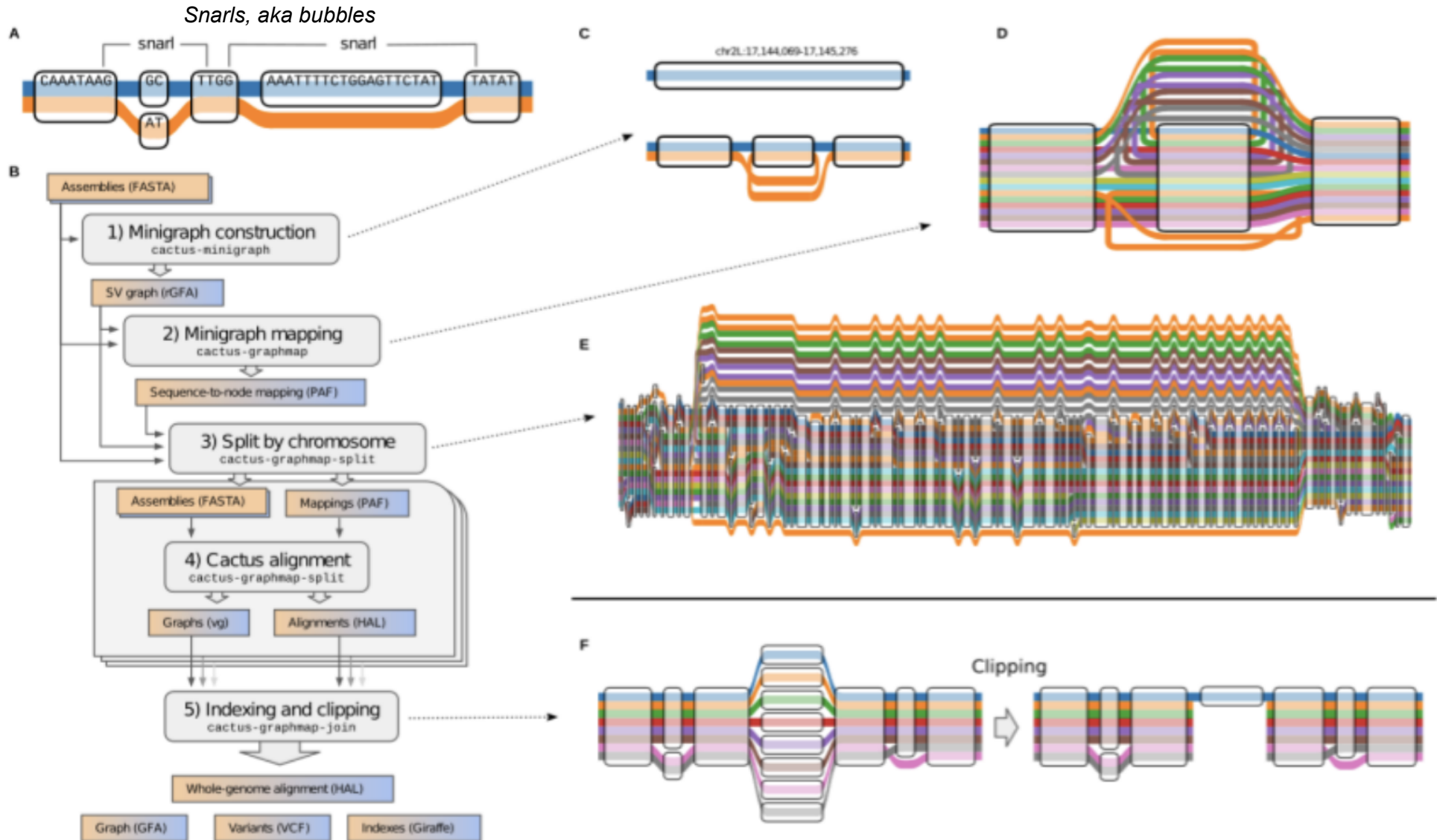
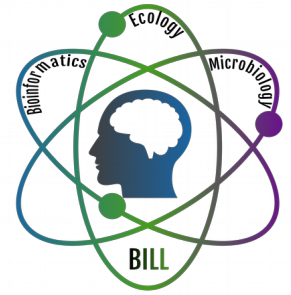


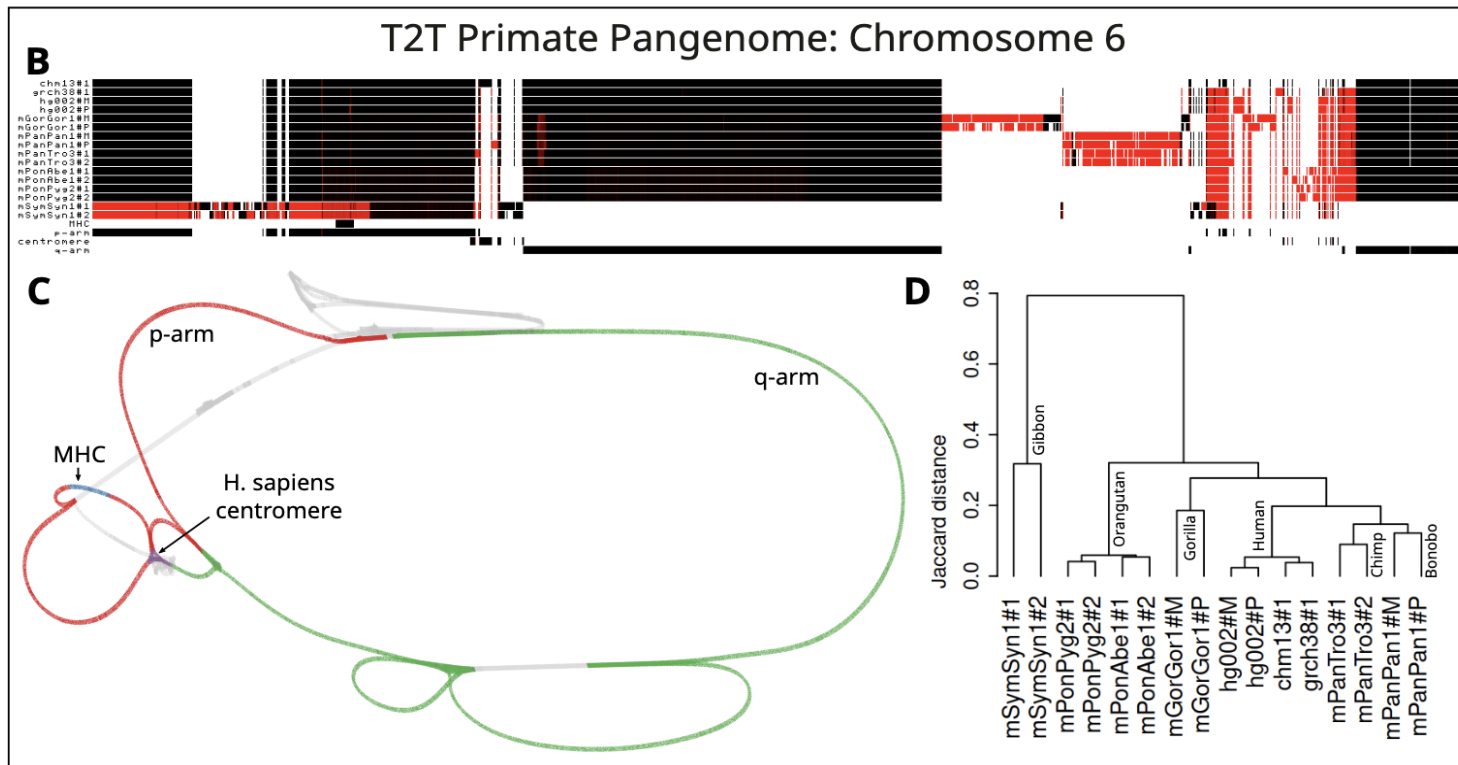
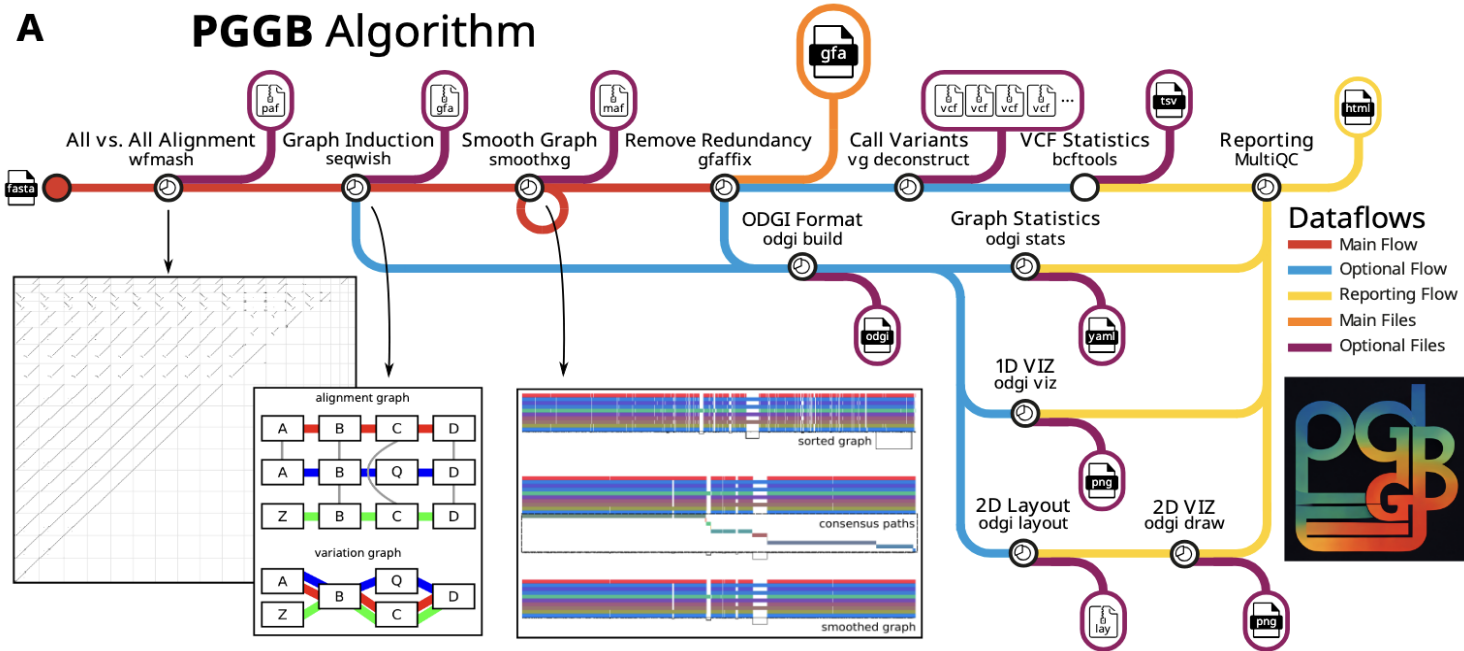
- 24 Sept @ 5.129 - Mini projet de recherche
 - Analyse comparative des approches de pangénomique
 - Biblio + analyse des données KHV
- 1 Oct @salle BILL – Temps questions/réponses
- 8 Oct @salle BILL – Rendu 5 pages + Table ronde

Building pangenome graphs



Pangenome Graph Construction from Genome Alignment with Minigraph-Cactus





Rendu

- Groupe de 4-5 personnes min
- 5 pages max incluant figures, page de garde et références
- Doit répondre aux questions posées (voir slide suivante)
- Doit inclure une partie résultat-discussion des données KHV (uniquement à l'oral)

Rendu questions

- **Etapes clefs (communes) entre les deux outils**

- Quels sont les principaux modules (étapes) des pipelines bioinformatique ?
- Quelles sont les difficultés spécifiques pour représenter les variants structuraux (par exemple inversions, duplications) dans un graphe de pangenome, et comment Minigraph-Cactus les gère-t-il ?

- **Impact de la référence sur la detection des variations structurales**

- Les auteurs de Hickey et al. comparent les pangenomes construits à partir de GRCh38 versus CHM13 (Telomere-to-Telomere). Quels effets observent-ils sur la qualité, la couverture des variants ou le biais de référence ? Pourquoi le choix de la référence importe-t-il dans ce contexte ?

- **Robustesse / biais / effets confondants**

- « Quelles sources de biais ou de variance non biologique peuvent affecter l'interprétation des résultats (ex. biais de séquençage, batch effects, normalisation, couverture inégale) ? Comment les auteurs les contrôlent ou pourraient mieux les contrôler ? »

- **“Editability” à définir**