

GROUPE	30	DIALLO, Abdoulaye Baniré	diallo.abdoulaye@uqam.ca	(514) 987-3000 3914	PK-4720
Vendredi, de 17h30 à 20h30					

DESCRIPTION Étude des algorithmes, techniques et ressources logicielles appliqués aux séquences en biologie moléculaire (structures primaires de l'ADN et des protéines). Comparaison et alignements (simples et multiples) de séquences (ADN, protéines). Applications à la recherche dans les bases de données. Principaux outils de recherche existants et disponibles en ligne. Ressources en biologie sur le Web, dont les grandes bases de données. Problèmes d'assemblage d'ADN en contigs. Biopuces. Cartes du génome. Réarrangements de gènes. Prédiction et annotation des gènes. Comparaison de génomes.

- OBJECTIF**
- Connaître les principes de base de la bioinformatique
 - Présentation des différentes techniques d'assemblage de séquences
 - Connaître les principales bases de données et outils existants pour l'analyse de séquences d'ADN
 - Connaître les différentes structures des génomes
 - Apprentissage des méthodes de comparaison de génomes

ÉVALUATION	Description sommaire	Date	Pondération
	2 devoirs		40%
	Projet : Description	1er Octobre 2010	5%
	Projet : Présentation	17 Décembre 2010	15%
	Projet : Rapport	24 Décembre 2010	20%
	Examen final	10 Décembre 2010	20%
	Bonus participation		5%

Devoirs : Chaque chapitre de cours contiendra des exercices pratiques et certains d'entre eux considérés comme devoirs et seront notés. Au total deux devoirs comptant pour 40 % de la note finale seront proposés.

Projet et Présentation : Par équipe de deux ou trois, les étudiants devront réaliser un projet de grande envergure, les équipes devront comporter au moins deux personnes de formations différentes, l'idéal étant un(e) biologiste/biochimiste avec un(e) informaticien(ne)/mathématicien(ne). Les résultats de ces projets seront présentés dans un rapport d'une quinzaine de pages et feront l'objet d'une présentation orale d'environ 20 minutes. Une description préliminaire du projet devra être remise le 8 octobre 2008, suivie d'une rencontre avec le professeur.

Les sujets possibles pour les projets sont très variés. Ils s'appuient généralement sur un article de recherche et peuvent toucher les intérêts particuliers des étudiants. Il est toutefois nécessaire d'obtenir l'accord du professeur pour chaque projet. Par ailleurs, une liste de projets sera également proposée par le professeur.

Le rapport sera évalué sur les critères suivants : qualité de la rédaction, maîtrise des aspects scientifiques du problème, apport original (par exemple implantation d'un algorithme, réplification des résultats avec un jeu de données différent, etc.).

La présentation orale sera évaluée sur les critères suivants : approche pédagogique, intérêts du matériel présenté, utilisation adéquate des médias (craie et tableau, transparents, présentation informatisée).

Examen final : Un examen écrit d'une durée de 3 heures permettra d'évaluer les connaissances générales acquises au cours de la session. Il sera à livre ouvert.

Bonus : Un bonus de 5% maximum sera attribué aux étudiants en fonction de leur participation au cours (réponses aux questions, participation aux discussions, assiduité).

Les règlements concernant le plagiat seront strictement appliqués. Pour plus de renseignements, veuillez consulter les sites suivants :

<http://www.sciences.uqam.ca/decanat/reglements.php>

<http://www.bibliotheques.uqam.ca/recherche/plagiat/index.html>

Politique d'absence aux examens

Un étudiant absent à un examen se verra normalement attribuer la note zéro pour cet examen. Cependant, si l'étudiant était dans l'impossibilité de se présenter à l'examen pour un motif valable, certains arrangements pourront être pris avec son enseignant. Pour ce faire, l'étudiant devra présenter à son enseignant l'un des formulaires prévus à cet effet accompagné des pièces justificatives appropriées (par ex., attestation d'un médecin que l'étudiant était dans l'impossibilité de se présenter à l'examen pour des raisons de santé, lettre de la Cour en

cas de participation à un jury).

Une absence pour cause de conflit d'horaires d'examen n'est pas considérée comme un motif valable d'absence, à moins d'entente préalable avec la direction du programme et l'enseignant durant la période d'annulation des inscriptions avec remboursement : tel qu'indiqué dans le guide d'inscription des étudiants, il est de la responsabilité d'un étudiant de ne s'inscrire qu'à des cours qui ne sont pas en conflit d'horaire.

Pour plus de détails sur la politique d'absence aux examens du Département d'informatique et pour obtenir les formulaires appropriés, consultez le site web suivant :

<http://www.info.uqam.ca/enseignement/politiques/absence-examen>

CONTENU

Ce cours est divisé en quatre grands chapitres. Dans chaque chapitre, nous définirons la problématique de base, donnerons un aperçu des principaux algorithmes – exacts ou heuristiques – développés, et apprendrons à utiliser les outils informatiques disponibles.

Chapitre 1 : Séquences biologiques et banques de données bioinformatiques

Types de séquences, diversité des bases de données de séquences. Problèmes informatiques liés au séquençage de nucléotides, séquençage direct, séquençage aux deux extrémités, séquençage par hybridation. Techniques d'assemblage de fragments. Cartographie physique. Séquençage de protéines.

Chapitre 2 : Comparaison de séquences

Techniques de comparaison de séquences. Alignement de paires de séquences, distance et similarité. Comparaisons globales et locales. Brèches et matrices de score. Alignements multiples de séquences. Algorithmes de programmation dynamique, heuristiques. Sélection d'oligonucléotides pour des puces ADN.

Chapitre 3 : Structures des génomes

Anatomie des génomes procaryotes et eucaryotes. Prédiction de gènes, annotations. Modèles de Markov Cachés. Profils de Séquences. Densité des gènes. Domaines. Éléments répétitifs. Opérons.

Chapitre 4 : Génomique comparée

Principales opérations de réarrangements. Transferts horizontaux. Duplications et perte de gènes. Famille de gènes. Gènes orthologues et paralogues. Polymorphismes. HapMap. Haplotypes. Identification d'unités fonctionnelles. Facteurs de transcription et sites de liaison. Synténies. Métagénomique.

RÉFÉRENCE

VO Il n'y a pas de manuels obligatoires pour ce cours. Cependant, des chapitres de livres et articles scientifiques seront mis à la disposition des étudiants tout au long de la session.

A : article – C : comptes rendus – L : logiciel – N : notes – R : revue –
S : standard – U : uri – V : volume

C : complémentaire – O : obligatoire – R : recommandé