

COORDONNATEUR	BERGERON, Anne	bergeron.anne@uqam.ca	(514) 987-3000 8214	PK-4320
GROUPE	40 BERGERON, Anne	bergeron.anne@uqam.ca	(514) 987-3000 8214	PK-4320

Judi, de 13h30 à 15h00 et de 15h15 à 16h45 (cours) – Mardi, de 14h00 à 16h00 (ateliers)

DESCRIPTION Initier l'étudiant aux concepts, outils et techniques de la bioinformatique. Relations entre l'informatique et la biologie. Nature et diversité des informations biologiques. Utilisation des ressources (informationnelles et logicielles) disponibles sur le Web. Algorithmes et heuristiques pour la comparaison et l'alignement de séquences biologiques. Assemblage et regroupement de séquences biologiques. Méthodes pour la comparaison de génomes. Introduction à la phylogénie, algorithmes et construction d'arbres et de réseaux. Algorithmes pour la détection et la comparaison de structure d'ARN. Ce cours comporte une séance obligatoire de laboratoire (deux heures).

- OBJECTIFS**
- Connaître les problèmes actuels en bioinformatique.
 - Connaître les principaux algorithmes utilisés en bioinformatique, les implémenter, et analyser leur complexité.
 - Utiliser les ressources disponibles sur le Web, et avoir un regard critique sur la façon dont les données sont générées.
 - Développer des applications bioinformatiques.
 - Pouvoir lire des articles techniques en bioinformatique.

ÉVALUATION	Description sommaire	Date	Pondération
	Devoirs (total de 3)		45%
	Examen intra (<i>take home</i>)	Semaine du 24 octobre	25%
	Examen final	16 décembre	30%

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

- 1) Informatique et biologie, les deux sciences du 21 siècle.
 - Atelier : Où est mon génome ?
- 2) Séquences biologiques et bases de données.
 - Atelier : Un gène, une protéine.
- 3) Séquençage et algorithmes d'assemblage.
 - Atelier : Assemblons avec Cap3.
- 4) Algorithmes d'alignement de séquences, la base.
 - Atelier : Logiciels d'alignements simples et d'alignements multiples.
- 5) Algorithmes et heuristiques d'alignement de séquences.
 - Atelier : BLAST

- 6) Recherche exacte et approximative de motifs.
 - Atelier : relâche (pour cause d'examen).
- 7) Comparaison de génomes entiers : Double-Cut-and-Join.
 - Atelier : GRIMM
- 8) Comparaison de génomes entiers : bioterrorisme et anthrax.
 - Atelier : De la nouvelle à la littérature scientifique.
- 9) Phylogénies parfaites et imparfaites.
 - Atelier : Logiciels de construction d'arbres.
- 10) Homologie et structures conservées.
 - Atelier : COGs, PFAM, SMART, String, etc.
- 11) Épissage alternatif et transcriptome.
 - Atelier : ENCODE
- 12) Le monde de l'ARN et les structures 3D.
 - Atelier : Mfold et PDB.

 RÉFÉRENCES

- VC Bernot, Alain – *Analyse de génomes, transcriptomes, et protéomes* – Dunod, (2001).
- VC Jean-Michel Claverie et Cedric Notredame – *Bioinformatics for Dummies, 2nd Edition* – Wiley, (2007).
- VC R. Deonier, S. Tavaré et M. Waterman – *Computational Genome Analysis Maps, Sequences, and Genomes* – Springer, (2005).
- VC Dan Guseld – *Algorithms on Strings, Trees, and sequences* – Cambridge University Press, (1997).
- VC N. Jones et P. Pevzner – *An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)* – MIT press, (2004).
- VC M. Moorhause et P. Barry – *Bioinformatics, Biocomputing and pearl* – Wiley, (2004).
- VC G. Navarro et M. Ranot – *Flexible Pattern Matching in Strings* – Cambridge University Press, (2002).
- VC J. Setubal et J. Meidanis – *Introduction to Computational Molecular Biology* – PWS Publishing Co., (1997).

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

C : complémentaire – O : obligatoire – R : recommandé