

GROUPE	30 BERGERON, Anne	bergeron.anne@uqam.ca	(514) 987-3000 8214	PK-4320
	Mercredi, 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
	Devoir 1	24 octobre 2012	20%
	Exposé 1	7 novembre 2012	15%
	Devoir 2	28 novembre 2012	20%
	Exposé 2	13 décembre 2012	15%
	Rapport	20 décembre 2012	10%
	Examen final	20 décembre 2012	20%

**Projet et exposés** : Idéalement par équipe de deux personnes de formation différente, les étudiants devront réaliser un projet d'analyse bioinformatique.

Dans un premier temps (Exposé 1), ils devront présenter un outil bioinformatique qu'ils auront testé et évalué, choisi parmi une liste fournie par le professeur. Det exposé sera jugé principalement sur l'approche pédagogique du sujet : Quel est le problème? Quelles définitions de base doit-on présenter, compte tenu d public interdisciplinaire? Que représentent les données? Sous quelle forme doit-on les soumettre? Comment lire les résultats? Comment interpréter les résultats?

Dans un second temps (Exposé 2 et Rapport), les étudiants devront fabriquer un jeu de données original pour l'outil analysé, ou un autre de leur choix.

**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.

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

[www.integrite.uqam.ca](http://www.integrite.uqam.ca)

<http://www.bibliotheques.uqam.ca/plagiat>

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

#### 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/reglements/politique-dabsence-aux-examens>

## 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, séquençage de seconde et troisième générations. Techniques d'assemblage de fragments. 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.

**Chapitre 3 : Structures des génomes**

Anatomie des génomes procaryotes et eucaryotes. Virus. Prédiction de gènes, annotations. Profils de séquences. Densité des gènes. Domaines. Éléments répétitifs, satellites. Opérons.

**Chapitre 4 : Expression des gènes**

Transcription, traduction, régulation. Transcription alternative. Définition de gène. Outils et bases de données.

**Chapitre 5 : Génomique comparée**

Principales opérations de réarrangements.

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

## RÉFÉRENCES

- 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.
- VR GOLDING, Brian, MORTON, Dick and HAERTY, Wilfrid – *Elementary Sequence Analysis*. – <http://helix.biology.mcmaster.ca/courses.html>
- VR PEVZNER, Pavel and SHAMIR, Ron – *Bioinformatics for biologists* – <http://cseweb.ucsd.edu/~ppevzner/B4B/overview.html>

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

C : complémentaire – O : obligatoire – R : recommandé