

## Ressources bioinformatiques et bioinformatique séquentielle

Groupe 30

Jeudi, de 17h30 à 20h30 (cours)

---

### Responsable(s) du cours

**Nom du coordonnateur :** BERGERON, Anne

**Nom de l'enseignant :** BERGERON, Anne

**Local :** PK-4320

**Téléphone :** (514) 987-3000 #8214

**Courriel :** bergeron.anne@uqam.ca

---

### Description du cours

Ce cours vise à étudier des algorithmes, techniques et ressources logicielles appliquées aux séquences en biologie moléculaire (structures primaires de l'ADN et des protéines).

Préalables académiques :

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. Séquençage et assemblage de biomolécules (ADN, ARN, protéines). Introduction aux biopuces. Prédiction et annotation des séquences fonctionnelles. Épissage alternatif. Réarrangements et comparaison de génomes.

---

### Objectifs du cours

- 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

---

### Contenu du cours

Ce cours est divisé en cinq grands chapitres. Dans chaque chapitre, nous définirons la problématique de base, donnerons un aperçu des principaux algorithmes, exacts ou heuristiques, 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.

## Modalités d'évaluation

Description sommaire	Date	Pondération
Devoir 1	13 octobre 2016	20 %
Exposé 1	10 novembre 2016	15 %
Devoir 2	24 novembre 2016	20 %
Exposé 2	8 décembre 2017	15 %
Examen final	15 décembre 2015	20 %
Rapport	19 décembre 2016	10 %

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

**L'autorisation de reprendre un examen en cas d'absence est de caractère exceptionnel. Pour obtenir un tel privilège, l'étudiant-e doit avoir des motifs sérieux et bien justifiés.**

Il est de la responsabilité de l'étudiant-e de ne pas s'inscrire à des cours qui sont en conflit d'horaire, tant en ce qui concerne les séances de cours ou d'exercices que les examens. **De tels conflits d'horaire ne constituent pas un motif justifiant une demande d'examen de reprise.**

Dans le cas d'une absence pour raison médicale, l'étudiant-e doit joindre un certificat médical original et signé par le médecin décrivant la raison de l'absence à l'examen. Les dates d'invalidité doivent être clairement indiquées sur le certificat. Une vérification de la validité du certificat pourrait être faite. Dans le cas d'une absence pour une raison non médicale, l'étudiant-e doit fournir les documents originaux expliquant et justifiant l'absence à l'examen &ndash; par exemple, lettre de la Cour en cas de participation à un jury, copie du certificat de décès en cas de décès d'un proche, etc. Toute demande incomplète sera refusée. Si la direction du programme d'études de l'étudiant-e constate qu'un étudiant a un comportement récurrent d'absence aux examens, l'étudiant-e peut se voir refuser une reprise d'examen.

L'étudiant-e absent-e lors d'un examen doit, dans les cinq (5) jours ouvrables suivant la date de l'examen, présenter une demande de reprise en utilisant le formulaire prévu, disponible sur le site Web du département à l'adresse suivante : <http://info.uqam.ca/politiques/>

L'étudiant-e doit déposer le formulaire dûment complété au secrétariat de la direction de son programme d'études : PK-3150 pour les programmes de premier cycle, PK-4150 pour les programmes de cycles supérieurs. Pour plus de détails sur la politique d'absence aux examens du Département d'informatique, consultez le site web suivant : <http://info.uqam.ca/politiques>

## Intégrité académique

### PLAGIAT Règlement no 18 sur les infractions de nature académique. (extraits)

Tout acte de plagiat, fraude, copiage, tricherie ou falsification de document commis par une étudiante, un étudiant, de même que toute participation à ces actes ou tentative de les commettre, à l'occasion d'un examen ou d'un travail faisant l'objet d'une évaluation ou dans toute autre circonstance, constituent une infraction au sens de ce règlement.

La liste non limitative des infractions est définie comme suit :

- la substitution de personnes;
- l'utilisation totale ou partielle du texte d'autrui en la faisant passer pour sien ou sans indication de référence;
- la transmission d'un travail pour fins d'évaluation alors qu'il constitue essentiellement un travail qui a déjà été transmis pour fins d'évaluation académique à l'Université ou dans une autre institution d'enseignement, sauf avec l'accord préalable de l'enseignante, l'enseignant;
- l'obtention par vol, manœuvre ou corruption de questions ou de réponses d'examen ou de tout autre document ou matériel non autorisés, ou encore d'une évaluation non méritée;
- la possession ou l'utilisation, avant ou pendant un examen, de tout document non autorisé;
- l'utilisation pendant un examen de la copie d'examen d'une autre personne;
- l'obtention de toute aide non autorisée, qu'elle soit collective ou individuelle;
- la falsification d'un document, notamment d'un document transmis par l'Université ou d'un document de l'Université transmis ou non à une tierce personne, quelles que soient les circonstances;
- la falsification de données de recherche dans un travail, notamment une thèse, un mémoire, un mémoire-crédation, un rapport de stage ou un rapport de recherche;
- Les sanctions liées à ces infractions sont précisées à l'article 3 du Règlement no 18.

Les règlements concernant le plagiat seront strictement appliqués. Pour plus de renseignements, veuillez consulter les sites suivants : <http://www.sciences.uqam.ca/etudiants/integrite-academique.html> et <http://www.bibliotheques.uqam.ca/recherche/plagiat/index.html>

## Médiagraphie

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 PEVSNER, Jonathan, Bioinformatics and Functional Genomics.

<http://pevsnerlab.kennedykrieger.org/php/?q=book2>

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/~ppezvner/B4B/overview.html>