



913 17 MA 3 INF UE 038	Bioinfo-AlgoProg2
Information générale générales	
Intitulé de l'unité d'enseignement	Advanced algorithmics and programming for biologists
Langue d'enseignement	Anglais
Lieu d'enseignement	
Niveau	master
Semestre	3
Responsable de l'unité d'enseignement	SINOQUET CHRISTINE
Place de l'enseignement	
Unité(s) d'enseignement pré-requise(s)	Les deux UE d'algorithmique et de programmation du M1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou l'équivalent de ces deux UE.
Parcours d'études comprenant l'unité d'enseignement	M2 Bioinformatique pour les biologistes, M2 Ingénierie bioinformatique
Programme	
Objectifs	<p>A l'issue de cet enseignement, les étudiants</p> <ul style="list-style-type: none">- auront revu de façon approfondie les structures de données classiques (listes, piles, files) ainsi que le principe de leur gestion, et connaîtront le principe des tables de hachage, ainsi que le principe de leur gestion et utilisation- auront assimilé les notions de complexité temporelle et spatiale d'un algorithme, sauront évaluer les complexités au pire dans des cas simples- sauront écrire toute variante classique d'un algorithme de parcours de liste, connaîtront le principe de quelques algorithmes de tri d'un vecteur, ainsi que celui de la recherche dans un vecteur trié, et sauront implémenter en C les algorithmes correspondants- auront revu de façon approfondie les notions de procédure et fonction, les différentes modalités de passage de paramètres, auront compris le principe de la récursivité et sauront mettre en oeuvre en C toutes ces notions- connaîtront des structures de données avancées (arbres binaires, arbres, arbres de recherche, graphes) ainsi que les algorithmes classiques d'utilisation ou de parcours de ces dernières structures et sauront mettre en oeuvre en C toutes ces notions- auront assimilé dans leurs grandes lignes le principe des méthodes exactes et heuristiques de recherche de solution optimale ou sous-optimale relevant de l'optimisation combinatoire (méthodes constructives (dont le branch-and-bound et la programmation dynamique), méthodes perturbatives)- seront capables d'implémenter en C un projet mettant en oeuvre une partie de ces notions et choisi pour illustrer un cas d'application en bioinformatique, sur un problème de taille significative

Contenu	<p>Cours</p> <ul style="list-style-type: none"> • Retour et compléments sur listes, piles, files • Algorithmes de parcours de listes • Algorithmes de tri d'un vecteur, algorithmes de recherche dans un vecteur trié • Procédures et fonctions, passage de paramètres, récursivité • Arbres, arbres binaires, arbres binaires de recherche • Elements de complexité • Eléments sur les graphes et la combinatoire • Algorithmes de parcours d'arbres et de graphes • Analyse du principe de quelques algorithmes classiques relevant du domaine de la théorie des graphes (parcours de graphe, recherche de plus court chemin, recherche d'un arbre couvrant de poids minimal, optimisation par principe de séparation-évaluation de la durée de recherche d'une solution exacte dans un arbre de solutions...) • Introduction à la programmation dynamique au travers d'une étude de cas • Optimisation combinatoire - méta-heuristiques appliquées à la bio-informatique (exemples illustrant les méthodes perturbatives (par voisinages de solutions (descente, recuit-simulé, méthode Tabou, algorithmes génétiques, algorithmes mémétiques ...)) et les méthodes constructives (algorithme glouton, programmation dynamique, optimisation par colonie de fourmis ...)) <p>Travaux dirigés</p> <ul style="list-style-type: none"> • Poursuite de l'apprentissage de la programmation en langage C • Fin d'acquisition du savoir-faire relatif à la gestion des pointeurs et de l'allocation dynamique en C - comparaison avec le C++ <p>Travaux pratiques</p> <ul style="list-style-type: none"> • Implémentation d'une application de taille significative du domaine de la bio-informatique (sous la forme d'un projet mené pendant un semestre, utilisant des structures de données complexes, allouées de façon dynamique (par exemple, listes à plusieurs niveaux, comportant des données hétérogènes...)). <p>Les sujets ciblés en TP ressortent obligatoirement d'une thématique propre à la Biologie, la Génomique, la Post-Génomique, la Médecine, la Santé, l'Agronomie ...</p> <p>Ce projet est commun à l'UE Models, methods and algorithms for bioinformatics.</p>
Méthodes d'enseignement	
Volume horaire total	TOTAL : 40h Répartition : CM : 32h TP : 0h TD : 8h CI : 0h
Enseignement à distance	oui (4.5h)
Bibliographie	
Evaluation	
Construction de la note	<p>(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table.</p> <p>(2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0</p> <p>(3) Absence justifiée médicalement à une évaluation sur table : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.</p>