



UNIVERSITÉ DE NANTES

# Descriptif de l'enseignement

Année universitaire 2017-2021

913 17 MA 3 INF UE 039	Bioinfo-MethodAlgo
<b>Information générale générales</b>	
Intitulé de l'unité d'enseignement	Models, methods and algorithms for bioinformatics
Langue d'enseignement	Anglais
Lieu d'enseignement	
Niveau	master
Semestre	3
Responsable de l'unité d'enseignement	SINOQUET CHRISTINE
<b>Place de l'enseignement</b>	
Unité(s) d'enseignement pré-requis(s)	Les deux UE d'algorithmique et de programmation du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou des UE équivalentes.
Parcours d'études comprenant l'unité d'enseignement	M2 Bioinformatique pour les biologistes, M2 Ingénierie bioinformatique
<b>Programme</b>	
Objectifs	<ul style="list-style-type: none"><li>• A l'issue de ces enseignements, les étudiants<ul style="list-style-type: none"><li>- auront assimilé les principes régissant les algorithmes et méthodes classiques utilisées dans les divers champs de la bioinformatique : analyse et comparaison de séquences biologiques (variantes d'algorithmes de recherche de motifs, alignement de deux séquences, alignement multiple de séquences, heuristiques d'alignement d'une séquence contre les séquences d'une base de données), reconstruction phylogénétique moléculaire, inférence d'haplotypes à partir de génotypes, prédiction de gènes, inférence de données biologiques manquantes, prédiction de structures secondaires d'ARN</li><li>- seront capables d'implémenter en C un projet de développement complet, adapté pour illustrer l'un de ces algorithmes de la bioinformatique, sur un problème de taille significative,</li></ul></li></ul>

Contenu	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Objectif 1</b> connaître les principes algorithmiques mis en oeuvre par les logiciels disponibles sur les plateformes bio-informatiques disponibles sur Internet, pour en finir avec l'utilisation en "boîte noire"</li> <li>• <b>Objectif 2</b> acquérir des références sur les divers types possibles de résolution de problèmes de bioinformatique ; renforcer ses connaissances sur les limites et la faisabilité d'une méthode à adapter ou créer</li> <li>• <b>Objectif 3</b> comprendre certains des algorithmes et méthodes relevant de la combinatoire et de l'optimisation combinatoire, lorsqu'ils sont appliqués au domaine de la bioinformatique, grâce à des exemples concrets d'application 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...)</li> </ul> <p><b>Programme détaillé</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyse et comparaison de séquences biologiques</li> <li>• Recherche de motifs, extraction de motifs (méthodes exactes, approchées (illustration d'une méthode stochastique))</li> <li>• Prédiction de promoteurs</li> <li>• Alignements de séquences (programmation dynamique), alignements multiples</li> <li>• Heuristiques Blast1, Blast2, Psi-Blast et FASTA</li> <li>• Phylogénie moléculaire (méthodes de distances (UPGMA, Tversky, Neighbor-Joining), méthodes par maximum de parcimonie (et leurs variantes), méthodes probabilistes (par estimation du maximum de vraisemblance))</li> <li>• Traitement des données de puces à ADN, ChIP-chip</li> <li>• Traitement de données de génotypage SNPs, inférence de données manquantes dans de grands tableaux de marqueurs génétiques (SNPs)</li> <li>• Mise en évidence de facteurs génétiques responsables de maladies, études d'association génotype-phénotype à l'échelle du génome (GWAS)</li> <li>• Prédiction de gènes</li> <li>• Inférence d'haplotypes à partir de génotypes</li> <li>• Séquençage</li> <li>• Carthographie</li> <li>• Comparaison de génomes</li> <li>• Prédiction de structures secondaires d'ARN, prédiction de structures de protéine</li> </ul> <p><b>Travaux pratiques</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 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...)</li> </ul> <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 Advanced algorithmics and programming for biologists.</p>
Méthodes d'enseignement	
Volume horaire total	<b>TOTAL : 40h Répartition : CM : 22h TP : 10h TD : 8h CI : 0h</b>
Enseignement à distance	oui (4.5h)
Bibliographie	
<b>Evaluation</b>	

Construction de la note	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
-------------------------	--

Dernière modification par ISABELLE BEAUDET, le 2017-03-16 11:19:01