

IFT6291-BIN6000: Algorithmes en bioinformatique génomique

Plan de Cours

Automne 2016

Professeure: Sylvie Hamel

Bureau: A.A. 3161

Diponibilité: sur rendez-vous

Courriel: hamelsyl AT iro.umontreal.ca

Page web du cours: <http://www.iro.umontreal.ca/~hamelsyl/IFT6291-A16>

Objectifs: Ce cours explore diverses méthodes algorithmiques utilisées pour résoudre des problèmes liés à l'analyse et la comparaison de séquences génomiques et de structures biologiques. L'objectif est d'étudier des problématiques classiques de la bioinformatique génomique en explorant un certain nombre de méthodes algorithmiques utilisées pour les résoudre. Ce cours a également pour objectif d'initier les étudiants à la recherche théorique en bioinformatique.

Contenu:

1. Introduction + quelques rappels biologiques.
2. Recherche de motifs
 - a) Recherche exacte (Algorithme naïf, Boyer-Moore, Morris-Pratt, Knuth-Morris-Pratt)
 - b) Recherche multiple (Algorithme de Aho-Corasick)
 - c) Recherche de répétitions (Arbres des suffixes)
 - d) Recherche approchée, alignements de séquences (Programmation dynamique, algorithmes fondamentaux)
 - e) Optimisation des algorithmes de comparaisons de séquences (Nombre borné d'erreurs, prétraitement, méthodes de filtrage, algorithmes vectoriels)
3. Alignements multiples (score Sum-of-Pairs, alignements phylogénétique, heuristiques usuelles)
4. Choix de sujets: construction d'arbres de phylogénie, prédiction et comparaison de structures secondaires, réarrangements génomiques, médianes, etc..

Manuels de références:

- R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh and G. Mitchison, *Biological sequence analysis - Probabilistic models of proteins and nucleic acids*, Cambridge University Press, 1998.
- G. Fertin, A. Labarre, I. Russu, E. Tannier and S. Vialette, *Combinatorics of Genome Rearrangements*, MIT Press, 2009.
- D. Gusfield, *Algorithms on Strings, Trees and Sequences - Computer Science and Computational Biology*, Cambridge University Press, 1997.
- P. A. Pevzner, *Computational Molecular Biology - An Algorithmic Approach*, MIT Press, 2000.
- J. Setubal and J. Meidanis, *Introduction to Computational Molecular Biology*, PWS Publishing Company, 1997.

Évaluation:

1. Petit projet de recherche: L'objectif est d'approfondir un sujet de bioinformatique choisi par l'étudiant et accepté par le professeur. Le travail peut donner lieu à l'implémentation et/ou la comparaison de différents algorithmes pour la résolution d'un problème donné, à la comparaison de différentes méthodes théoriques, à une étude bibliographique approfondie, ou tout autre travail jugé suffisant. Remise d'un rapport final. (40 %)
2. Deux présentations d'un même article scientifique: 1) accent sur la biologie et 2) accent sur l'algorithmie (35-40 minutes par présentation) (2 X 20 %)
3. Devoirs (20 %)