



Fiche d'U.E. – LU2SV483 BIOINFORMATIQUE : ALGORITHMIQUE ET PROGRAMMATION AVANCEE

Responsables de l'U.E. :

Sophie PASEK, sophie.pasek@upmc.fr

Bernard Billoud, bernard.billoud@upmc.fr

Nature de l'U.E.:

Complémentaire

Semestre où l'enseignement est proposé :

S4

Nombre d'ECTS :

6 ECTS

Nombre d'heures de cours :

24h de cours

Nombre d'heures de TD :

0h de TD

Nombre d'heures de TP :

36h de TP

Evaluation :

Examen de TP (/30)

Projet écrit (/35)

Projet oral (/35)

Epreuve de seconde chance : écrit ou oral (selon le nombre d'étudiants concernés) □ **Capacité d'accueil :**

35 étudiants

Ce module présente les **outils méthodologiques fondamentaux en informatique indispensables aux biologistes** et qui leur permettra d'exploiter les résultats de leurs expériences. Il met l'accent sur les aspects fondamentaux et applicatifs **spécifiques à la bio-informatique**. Des exemples de **problèmes**

concrets biologiques seront traités pour faire le lien avec d'autres disciplines (génomique, phylogénie, analyse d'images, etc.). Le langage de programmation utilisé est python.

Attention : pour pouvoir suivre ce module, il faut avoir des notions de base en programmation (par exemple avoir suivi l'ue LU1IN001 ou l'ue LU2SV385 ou encore LU2SV381 ou formation équivalente).

L'informatique est devenu un outil indispensable au travail des biologistes pour stocker et analyser toutes sortes de données. La manipulation et l'exploitation de ces données sont efficaces lorsque cet outil est maîtrisé notamment par l'apprentissage d'un langage de programmation et de méthodes d'analyses (représentation des données et algorithmes). Dans le prolongement de ces analyses, il est alors possible d'aborder la bioinformatique et ses propres problématiques.

Cet enseignement d'informatique optionnel dans un cursus de biologie a pour objectifs :

- **de consolider et compléter des connaissances** informatique (programmation) et de permettre ainsi au futur biologiste de manipuler facilement ses données grâce à l'utilisation de scripts.
- **de réaliser des analyses de données biologiques.** Par exemple, nous montrerons comment exploiter des données de séquençage ou analyser des résultats de métagénomique
- **d'aborder la bioinformatique, ses algorithmes et ses problématiques via des exemples** : analyse de séquences, recherche de motifs structuraux, parcours d'un arbre phylogénétique.
- **d'aborder la représentation graphique et l'analyse d'images.** Par exemple, nous pourrions simuler la distribution des feuilles sur une branche d'arbre ou encore le processus de pigmentation des cellules à l'origine des tâches du pelage des vaches.
-

Nous nous intéresserons donc à la modélisation de problèmes biologiques simples, à la représentation des données, aux algorithmes et à leur complexité. Les algorithmes correspondants seront programmés en TP et appliqués sur les données adéquates.

Une partie de l'enseignement est consacrée à un projet. Les étudiants traitent par binôme un sujet de projet parmi 2 au choix chaque année qui les met **en condition d'une véritable analyse bio-informatique.** Le projet donne lieu à une évaluation écrite (projet rendu) et à une évaluation orale (soutenance).