

↳ **Tour de contrôle des U.E**  
*(Une fiche par semestre et par UE)*

## Licence Sciences et Technologies

Libellé long: Algorithmes pour la bio-informatique

Libellé court: Algos bio-info

Composante: U.F.R. Sciences

Période: Enseignement premier semestre

Nature: Unité d'enseignement

Crédit ECTS: 6

Volume: 54 HE

### Objectifs

Introduction aux algorithmes de base pour la bio-informatique.

### Programme contenu

Le séquençage des génômes a mis à disposition des biologistes une énorme masse de données dont l'exploration et l'exploitation représentent un des défis des années à venir. L'objectif du cours est de présenter des algorithmes qui sont à la base des plus importants logiciels utilisés en bio-informatique:

- Recherche de motifs dans une séquence
- Recherche de motifs répétés
- Comparaison de séquences
- Distance d'édition
- Alignement de séquences
- Arbres et phylogénie

Les TPs visent à illustrer de manière pratique quelques uns des algorithmes vus en cours. Ils présentent aussi les principaux instruments d'analyse/recherche qu'on trouve sur le Web.

## Charges

C.N.U: Informatique

Cours magistraux: 18 heures

Travaux dirigés: 0 heures

Travaux pratiques: 36 heures

## Responsables

- FORMENTI Enrico

## Ressources BU ou ouvrages conseillées

Introduction à la bioinformatique

Cynthia Gibas, O'Reilly, 2001.

Bioinformatique: génomique et post-génomique

François Képès, Frédéric Dardel. Ecole Polytechnique, 2002.

Jewels of Stringology

Wojciech Rytter (Auteur), Maxime Crochemore. World Scientific Publishing Company, 2002.

## Ressources numériques

<http://fr.wikipedia.org/wiki/Bio-informatique>

[http://fr.wikipedia.org/wiki/Alignement\\_de\\_séquences](http://fr.wikipedia.org/wiki/Alignement_de_séquences)

[http://fr.wikipedia.org/wiki/Arbre\\_phylogénétique](http://fr.wikipedia.org/wiki/Arbre_phylogénétique)