

4.0 crédits	30.0 h + 15.0 h	1q
-------------	-----------------	----

Enseignants:	Ghislain Michel (coordinateur) ; Baret Philippe ;
Langue d'enseignement:	Français
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Thèmes abordés :	<p>Les principaux thèmes abordés sont 1) la définition des concepts propres à l'information biologique et à son analyse par ordinateur ; 2) la description des banques de données utiles au biologiste moléculaire ainsi que leurs consultations via l'Internet; 3) l'utilisation des logiciels permettant d'identifier la région codante d'un gène, de déterminer sa carte de restriction et de déduire la séquence du polypeptide traduit; 4) la comparaison des méthodes d'alignement de séquences utilisées pour définir les régions conservées ou fonctionnelles et pour retracer les relations phylogénétiques entre séquences; 5) les prédictions des structures secondaire et tertiaire des protéines. Une attention particulière est consacrée à l'interprétation des résultats et à leurs significations statistiques. Le choix des méthodes de prédiction est justifié selon le contexte de la recherche alors que les démarches expérimentales pour valider les prédictions sont également discutées. L'étudiant se sert de programmes communément utilisés en biologie moléculaire pour appliquer ses connaissances théoriques.</p>
Acquis d'apprentissage	<p>Ce cours est consacré à l'apprentissage théorique et pratique des outils informatiques qui sont couramment utilisés pour l'analyse des séquences nucléotidiques et polypeptidiques. Il explique les méthodes qui ont été développées pour décrypter l'information biologique encodée dans le génome, en présentant les points forts et les limitations des différentes prédictions. L'étudiant sera ainsi prêt à s'intégrer dans une équipe de recherche en biologie moléculaire où il pourra appliquer ses connaissances en bioinformatique à la résolution de problèmes fondamentaux ou appliqués qui sont rencontrés dans le secteur des sciences de la vie</p> <p><i>La contribution de cette UE au développement et à la maîtrise des compétences et acquis du (des) programme(s) est accessible à la fin de cette fiche, dans la partie « Programmes/formations proposant cette unité d'enseignement (UE) ».</i></p>
Contenu :	<p>Le cours commence par la description des banques de données les plus utiles pour le biologiste moléculaire. Il explique comment y accéder via l'Internet et comment formuler une requête. Il explique ensuite comment comparer deux séquences par la méthode de la matrice pointée et comment les aligner. Ces méthodes d'alignement sont implémentées dans les programmes de recherche d'identité tels que FASTA et BLAST, qui sont également décrits. Le cours se poursuit avec les alignements multiples qui permettent de définir les régions conservées au sein des familles multigéniques. Il décrit les différences entre les méthodes basées sur l'alignement progressif (CLUSTALW) et les profils ou modèles cachés de Markov. Le cours passe ensuite en revue les méthodes de parcimonie, distance ou vraisemblance maximale, qui sont utilisées pour la construction des arbres phylogénétiques. Il se termine par la prédiction des structures secondaire et tertiaire des polypeptides, leur topologie membranaire et leur localisation subcellulaire. La partie théorique s'accompagne d'exercices réalisés sur ordinateur. L'étudiant est évalué pour sa capacité à appliquer l'outil bio-informatique à la résolution d'un cas concret, emprunté au domaine de la recherche en biologie moléculaire.</p>
Autres infos :	<p>Pré-requis Cours de biochimie et de biologie moléculaire                  Evaluation Résolution en salle informatique d'un problème de biologie moléculaire                  Support Syllabus écrit par l'enseignant, copie de présentations powerpoint                  Encadrement Exercices résolus avec l'aide de l'enseignant</p>
Cycle et année d'étude :	<p>&gt; <a href="#">Master [120] bioingénieur : chimie et bio-industries</a>                  &gt; <a href="#">Master [120] en sciences de la santé publique</a>                  &gt; <a href="#">Master [120] en statistiques, orientation biostatistique</a>                  &gt; <a href="#">Master [60] en sciences biologiques</a>                  &gt; <a href="#">Master [120] en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire</a>                  &gt; <a href="#">Master [120] bioingénieur : sciences agronomiques</a></p>
Faculté ou entité en charge:	AGRO