

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
Ressources en ligne:	Icampus
Préalables :	Notions de base en biochimie et en biologie moléculaire.
Thèmes abordés :	<p>La bio-informatique désigne l'ensemble des concepts et des techniques nécessaires au traitement de l'information biologique et à son interprétation. Ce cours introductif décrit :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- les bases de données où sont conservées les séquences nucléotidiques et polypeptidiques</li> <li>- les concepts et les outils informatiques qui sont nécessaires à l'analyse des séquences de l'ADN ou des protéines encodées (identification des régions codantes, recherche de ressemblances ou de motifs conservés, relations évolutives)</li> <li>- les concepts et les outils informatiques utilisés pour la prédiction de structures secondaires de l'ARN et la détection des traverses membranaires des protéines</li> <li>- certains outils statistiques développés pour l'interprétation des résultats</li> </ul>
Acquis d'apprentissage	<p>a. Contribution de l'activité au référentiel AA (AA du programme) Cohérence des AA cours en regard de ceux du programme 1.1, 1.2, 1.3 3.1, 3.2, 3.4, 3.5, 3.6</p> <p>b. Formulation spécifique pour cette activité des AA du programme</p> <p>A la fin de cette activité, l'étudiant est capable d'identifier les outils informatiques (logiciels, base de données) les plus appropriés pour résoudre un problème scientifique, lié à l'analyse des séquences d'ADN ou de protéine, c'est-à-dire :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Expliquer les concepts théoriques sous-jacents aux outils bio-informatiques</li> <li>- Consulter les bases de données, expliquer comment l'information y est organisée, et identifier leurs avantages et inconvénients respectifs</li> <li>- Confirmer ou réfuter les résultats d'analyse et les prédictions disponibles ; le cas échéant, proposer des analyses informatiques plus performantes ou rigoureuses</li> <li>- Élaborer une méthodologie d'analyse complète à partir d'une séquence inconnue</li> </ul> <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>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants :	<p>L'examen à livre ouvert consiste à proposer un problème associé à l'analyse d'une séquence d'ADN ou de protéine. Sa résolution exige :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- la compréhension des concepts visés par le cours</li> <li>- l'identification et la justification des outils informatiques (logiciels, bases de données) les plus appropriés</li> <li>- l'interprétation statistique des résultats ou des prédictions obtenus</li> </ul> <p>L'élaboration de la réponse exige des compétences développées par d'autres cours comme l'esprit de synthèse, la rigueur, la précision et l'esprit critique.</p>
Méthodes d'enseignement :	<p>Les compétences visées par le cours seront développées à l'aide d'exposés magistraux, incluant des exemples concrets d'analyse de séquence, et à l'aide d'exercices encadrés à réaliser individuellement ou en groupe, en salle informatique. Un monitorat est prévu en fin de quadrimestre</p>
Contenu :	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Rappel de notions fondamentales de biologie moléculaire</li> <li>2. Les bases de données ciblées sur les séquences nucléiques et polypeptidiques, les motifs conservés et les familles de protéines, les organismes</li> <li>3. Consultation des bases de données via l'Internet</li> <li>4. Comparaison, alignement global et local de séquences par la technique de programmation dynamique, matrices de score</li> <li>5. Recherche de séquences similaires dans les bases de données par la technique de la table de hachage</li> <li>6. Alignement multiple global et local (matrices de score à position spécifique, modèle caché de Markov)</li> <li>7. Prédiction des traverses membranaires et structure tridimensionnelle de l'ARN</li> <li>8. Construction d'arbres phylogénétiques (distance et approche cladistique)</li> </ol>

<p>Bibliographie :</p>	<p>Un syllabus, des copies papier des diaporamas et le manuel pour les exercices sont disponibles sur icampus. Le cours ne fait appel à aucun support particulier qui serait payant et jugé obligatoire. L'ouvrage Bioinformatics de Mount (CSHL press) est conseillé pour un apprentissage plus approfondi</p>
<p>Cycle et année d'étude: :</p>	<p>&gt; <a href="#">Master [120] en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire</a> &gt; <a href="#">Master [120] bioingénieur : chimie et bio-industries</a> &gt; <a href="#">Master [60] en sciences biologiques</a> &gt; <a href="#">Master [120] en sciences de la santé publique</a> &gt; <a href="#">Master [120] bioingénieur : sciences agronomiques</a> &gt; <a href="#">Master [120] en statistiques, orientation biostatistique</a></p>
<p>Faculté ou entité en charge:</p>	<p>AGRO</p>