

5.0 crédits

30.0 h + 30.0 h

2q

Enseignants:	Ghislain Michel ; Dupont Pierre ;
Langue d'enseignement:	Anglais
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Ressources en ligne:	<a href="http://icampus.uclouvain.be/claroline/course/index.php?cid=LGBIO2010">http://icampus.uclouvain.be/claroline/course/index.php?cid=LGBIO2010</a>
Préalables :	LFSAB1401 Informatique 1 LFSAB1402 Informatique 2
Thèmes abordés :	-- Introduction à la biologie moléculaire -- Recherche dans des bases de données biologiques -- Comparaison et alignements de séquences -- Recherche de motifs -- Modèles de Markov cachés -- Technologies et méthodes d'analyse du transcriptome -- Méthodes d'inférence de réseaux d'interaction -- Algorithmes de construction d'arbres phylogénétiques
Acquis d'apprentissage	<p>Eu égard au référentiel AA du programme « Master ingénieur civil en génie biomédical », ce cours contribue au développement, à l'acquisition et à l'évaluation des acquis d'apprentissage suivants :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- AA1.1, AA1.2, AA1.3, - AA2.2, AA2.4, - AA4.3, - AA5.3</li> </ul> <p>Plus précisément, au terme du cours, l'étudiant sera capable de :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- maîtriser des concepts de base en biologie moléculaire pour une utilisation pertinente d'outils bio-informatiques,</li> <li>- concevoir, développer et utiliser des outils et méthodes informatiques spécifiques à la gestion, l'exploitation et la recherche d'informations dans des collections de données biologiques,</li> <li>- faire un choix argumenté entre différentes techniques informatiques pour résoudre des problèmes biologiques.</li> </ul> <p>Acquis d'apprentissage transversaux :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Mener à bien un projet en équipe, éventuellement entre étudiants avec des compétences initiales complémentaires en informatique ou en biologie, et fournir en commun une solution argumentée à un problème bioinformatique donné</li> <li>- S'appuyer à bon escient sur des informations disponibles dans des bases de données externes (telles que GenBank ou UniProt) régulièrement mise à jour</li> <li>- Maîtriser un environnement logiciel tel que EMBOSS ou R (Bioconductor).</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>La note du cours se répartit comme suit :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- mini-projets effectués en groupe durant le quadrimestre pour 20%</li> <li>- examen pratique avec la suite d'outils EMBOSS (à livre ouvert) pour 30 %</li> <li>- examen théorique sur les aspects algorithmiques et statistiques (à livre fermé) pour 50 %</li> </ul> <p>La note des mini-projets est définitive à l'issue du quadrimestre : il n'y a pas de possibilité de refaire ces exercices en seconde session.</p>
Méthodes d'enseignement :	<p>Cours magistraux, travaux pratiques sur ordinateur et mini-projets.</p> <p>Les travaux pratiques sont réalisés avec la suite d'outils EMBOSS (disponibles en salle d'exercices). Les étudiants sont amenés à faire un choix argumenté d'une solution informatique appropriée pour résoudre des questions biologiques concrètes.</p> <p>Des mini-projets sur les aspects algorithmiques et statistiques sont réalisés par groupes de 2 étudiants pour mettre en oeuvre, et adapter au besoin, des algorithmes vus au cours. Les étudiants ont le choix de l'environnement logiciel (R, Matlab, Python, Perl, ...) pour réaliser ces mini-projets.</p>
Contenu :	--

	<p>Introduction à la biologie moléculaire  --  Recherche dans des bases de données biologiques  --  Comparaison et alignements, simple et multiple, de séquences  --  Extraction de motifs  --  Modèles de Markov cachés  --  Technologies et méthodes d'analyse de l'expression génique (transcriptome)  --  Méthodes d'inférence de réseaux d'interaction  --  Algorithmes de construction d'arbres phylogénétiques</p>
<p><b>Bibliographie :</b></p>	<p>Les supports obligatoires sont constitués de l'ensemble des documents (transparents des cours magistraux, énoncés des travaux pratiques, compléments, ...) disponibles sur le site lcampus du cours.  Les ouvrages suivants sont recommandés comme ressources complémentaires :  - Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis, D. Mount, Cold Spring Harbord Laboratory Press, 2nd ed., 2004.  - Introduction to Computational Genomics : a case-study approach, N. Cristianini M. Hand, Cambridge University Press, 2007.  - Biological Sequence Analysis : Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids, R. Durbin et al., Cambridge University Press, 1998.  - Inferring Phylogenies, J. Felsenstein, Sinauer Associates; 2nd ed., 2003.</p>
<p><b>Autres infos :</b></p>	<p>Les travaux pratiques utilisant le logiciel EMBOSS sont effectués en salle informatique.</p>
<p><b>Cycle et année d'étude :</b></p>	<p><a href="#">&gt; Master [120] : ingénieur civil en informatique</a>  <a href="#">&gt; Master [120] en sciences informatiques</a>  <a href="#">&gt; Master [120] : ingénieur civil biomédical</a>  <a href="#">&gt; Master [120] : ingénieur civil en mathématiques appliquées</a>  <a href="#">&gt; Master [120] : ingénieur civil électricien</a></p>
<p><b>Faculté ou entité en charge:</b></p>	<p>GBIO</p>