






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:	Moodle > http://moodleucl.uclouvain.be/course/view.php?id=8915
Préalables :	<p>Les étudiants doivent maîtriser les compétences suivantes :</p> <ul style="list-style-type: none"> -- implémenter et tester une solution sous la forme d'un prototype logiciel et/ou d'un modèle numérique, -- démontrer une bonne compréhension des concepts et de la méthodologie de la programmation, -- faire un choix justifié entre plusieurs représentations des informations et plusieurs algorithmes pour les traiter, -- analyser un problème, proposer une solution informatique pour le résoudre et la mettre en oeuvre dans un langage de haut niveau, -- comprendre et savoir appliquer dans des situations variées les concepts de base de probabilités et de l'inférence statistique, -- tirer des conclusions fiables à partir de données d'échantillons statistiques, telles que couvertes dans les cours LFSAB1401 , LFSAB1402 et LFSAB1105. <p>Les compétences suivantes sont également utiles. Elles sont brièvement revues en début du cours LGBIO2010 :</p> <ul style="list-style-type: none"> -- comprendre le fonctionnement des organismes vivants à l'échelle de la cellule, -- décrire les concepts de la base de la génétique moléculaire -- définir les différentes classes de biomolécules ainsi que les processus et structures cellulaires où elles interviennent, telles que couvertes dans les cours LGBIO1111 et LBIR1220A
Thèmes abordés :	<ul style="list-style-type: none"> -- 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"> -- AA1.1, AA1.2, AA1.3 -- AA2.2, AA2.4 -- AA4.3 -- AA5.3 <p>Plus précisément, au terme du cours, l'étudiant sera capable de :</p>

	<ul style="list-style-type: none"> - maîtriser des concepts de base en biologie moléculaire pour une utilisation pertinente d'outils bio-informatiques, - 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, - faire un choix argumenté entre différentes techniques informatiques pour résoudre des problèmes biologiques. Acquis d'apprentissage transversaux : <ul style="list-style-type: none"> - 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 - S'appuyer à bonne escient sur des informations disponibles dans des bases de données externes (telles que GenBank ou UniProt) régulièrement mise à jour - Maîtriser un environnement logiciel tel que EMBOSS ou R (Bioconductor). 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) ».
Modes d'évaluation des acquis des étudiants :	La note du cours se répartit comme suit : <ul style="list-style-type: none"> - mini-projets effectués en groupe durant le quadrimestre pour 20% - examen pratique avec la suite d'outils EMBOSS (à livre ouvert) pour 30 % - examen théorique sur les aspects algorithmiques et statistiques (à livre fermé) pour 50 % 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.
Méthodes d'enseignement :	Cours magistraux, travaux pratiques sur ordinateur et mini-projets. 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. 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.
Contenu :	-- 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
Bibliographie :	Les supports obligatoires sont constitués de l'ensemble des documents (transparents des cours magistraux, énoncés des travaux pratiques, compléments, ...) disponibles sur le site Moole du cours. Les ouvrages suivants sont recommandés comme ressources complémentaires : <ul style="list-style-type: none"> - 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.
Autres infos :	Les travaux pratiques utilisant le logiciel EMBOSS sont effectués en salle informatique.
Faculté ou entité en charge:	GBIO

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [120] : ingénieur civil en mathématiques appliquées	MAP2M	5	-	
Master [120] : ingénieur civil électricien	ELEC2M	5	-	
Master [120] en sciences informatiques	SINF2M	5	-	
Master [120] : ingénieur civil biomédical	GBIO2M	5	-	
Master [120] en statistiques, orientation biostatistique	BSTA2M	5	-	
Master [120] : ingénieur civil en informatique	INFO2M	5	-	