



| | | |
|-----------|-----------------|----|
| 3 crédits | 24.0 h + 12.0 h | Q1 |
|-----------|-----------------|----|

| | |
|------------------------------|---|
| Enseignants | Nieberding Caroline ;SOMEBODY ; |
| Langue d'enseignement | Anglais |
| Lieu du cours | Louvain-la-Neuve |
| Acquis d'apprentissage | <p>1 Aujourd'hui, la biologie des systèmes est largement répandue dans les sciences environnementales. Ce cours est une introduction théorique et pratique à la génomique et à l'analyse protéomique telle qu'elle est le plus souvent appliquée en écologie et biologie des organismes. Il a pour principal objectif de donner à l'étudiant les bases scientifiques et les outils informatiques afin de comprendre la génomique et la protéomique et pouvoir l'appliquer.</p> <p>-----</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>Génomique : - Définition de la génomique - Histoire de la génomique - Génomique comparative, génomique fonctionnelle - Les applications de la recherche génomique - Un séminaire de 2h par Dr. Olivier Jaillon (Genoscope, Evry, France) sur l'analyse du génome du poisson <i>Tetraodon nigroviridis</i> (Nature 431, 946-957) - Outils informatiques utilisés pour analyser une séquence de contig: alignement avec les logiciels ClustalW de Bioedit, Muscle (MULTiple Sequence Comparison by Log-Expectation) et Mafft, assemblage d'un contig avec CAP (Contig Assembly Program), comparer la séquence à une base de données utilisant BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), annotation syntaxique par GeneMark et GeneWise, annotation fonctionnelle par ProSite et Pfam, recherche de motifs microsatellites et d'amorces par WebSat (anciennement WebTroll) et Primer3. Protéomique : - définitions, historique et principes généraux ; liens avec la génomique et la métabolomique ; - techniques de base : préparation des échantillons, isoelectric focusing, SDS-PAGE, colorations, analyses informatiques et statistiques, DIGE, - Spectrométrie de masse : théorie, appareils, applications - Protéomique : bases de données, outils informatiques, protéomique quantitative. - exemples d'études en écologie et en écotoxicologie ; analyse critique d'un article ; - travaux pratiques : réalisation par petits groupes de gels d'électrophorèse en deux dimensions, du scan de ces gels et de leur analyse via un logiciel adapté.</p> |
| Autres infos | - des connaissances de base en génétique et biochimie sont nécessaires - les diapos vues au cours font office de support didactique - des articles scientifiques seront analysés au cours - l'examen de la partie génomique est un rapport écrit sur la partie informatique en intégrant la théorie du cours - l'examen de la partie protéomique est oral. L'étudiant se voit confier un article à critiquer en fonction de ce qui aura été vu au cours théorique. |
| Faculté ou entité en charge: | BIOL |

| Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE) | | | | |
|--|---------|---------|-----------|---|
| Intitulé du programme | Sigle | Crédits | Prérequis | Acquis d'apprentissage |
| Master [120] en biologie des organismes et écologie | BOE2M | 3 | |  |
| Master [60] en sciences biologiques | BIOL2M1 | 3 | |  |