





4 crédits	30.0 h + 15.0 h	Q1
-----------	-----------------	----

Enseignants	Ghislain Michel coordinateur ;Mahillon Jacques ;
Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
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"> - les bases de données où sont conservées les séquences nucléotidiques et polypeptidiques - 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) - les concepts et les outils informatiques utilisés pour la prédiction de structures secondaires de l'ARN et la détection des traverses membranaires des protéines - certains outils statistiques développés pour l'interprétation des résultats
Acquis d'apprentissage	<p>a. <u>Contribution de l'activité au référentiel AA (AA du programme)</u> 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. <u>Formulation spécifique pour cette activité des AA du programme</u> 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> <p>1</p> <ul style="list-style-type: none"> - Expliquer les concepts théoriques sous-jacents aux outils bio-informatiques - Consulter les bases de données, expliquer comment l'information y est organisée, et identifier leurs avantages et inconvénients respectifs - Confirmer ou réfuter les résultats d'analyse et les prédictions disponibles ; le cas échéant, proposer des analyses informatiques plus performantes ou rigoureuses - Élaborer une méthodologie d'analyse complète à partir d'une séquence inconnue <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>
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/protéine et comprenant une approche métagénomique. Sa résolution exige :</p> <ul style="list-style-type: none"> - la compréhension des concepts visés par le cours - l'identification et la justification des outils informatiques (logiciels, bases de données) les plus appropriés - l'interprétation statistique des résultats ou des prédictions obtenus <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	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
Contenu	<ol style="list-style-type: none"> 1. Rappel de notions fondamentales de séquençage de génomes 2. Les bases de données ciblées sur les séquences nucléiques et polypeptidiques, les motifs conservés et les familles de protéines, les organismes 3. Consultation des bases de données via l'Internet 4. Comparaison, alignement global et local de séquences par la technique de programmation dynamique, matrices de score 5. Recherche de séquences similaires dans les bases de données par la technique de la table de hachage 6. Alignement multiple global et local (matrices de score à position spécifique, modèle caché de Markov) 7. Prédictions des traverses membranaires et structure tridimensionnelle de l'ARN

	8. Construction d'arbres phylogénétiques (distance et approche cladistique)
Ressources en ligne	Moodle
Bibliographie	<ul style="list-style-type: none"> • Bioinformatics sequence and genome analysis D. Mount • Bioinformatique: cours et cas pratique G. Deléage et M. Gouy <p>Des copies papier des diaporamas et le manuel pour les exercices sont disponibles sur Moodle. 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>
Autres infos	Ce cours peut être donné en anglais.
Faculté ou entité en charge:	AGRO

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [120] : bioingénieur en sciences agronomiques	BIRA2M	4		
Master [120] : bioingénieur en chimie et bioindustries	BIRC2M	4		
Master [120] en statistique, orientation biostatistiques	BSTA2M	4		
Master [120] en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire	BBMC2M	4		
Master [60] en sciences biologiques	BIOL2M1	4		