UCLouvain

lbrmc2201

2020

Bioinformatique : séquence d'ADN et de protéines

En raison de la crise du COVID-19, les informations ci-dessous sont susceptibles d'être modifiées, notamment celles qui concernent le mode d'enseignement (en présentiel, en distanciel ou sous un format comodal ou hybride).

4 crédits	30.0 h + 15.0 h	Q1

Enseignants	Ghislain Michel ;
Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Thèmes abordés	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 : - 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	1 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 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 : - 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 - - - - *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	**En raison de la crise du COVID-19, les informations de cette rubrique sont particulièrement susceptibles d'être modifiées.** Un examen à livre ouvert sur 12 points permet d'évaluer les compétences théoriques développées au cours, c-à-d : -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 Les compétences pratiques est évaluée sur 8 points au cours du quadrimestre , à travers des exercices à résoudre sur PC , individuellement ou en groupe de 2-3 étudiant.e.s.
Méthodes d'enseignement	**En raison de la crise du COVID-19, les informations de cette rubrique sont particulièrement susceptibles d'être modifiées.** 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.
Contenu	1. Introduction et contenu du cours 2. Les bases de données ciblées sur les séquences nucléiques et polypeptidiques, les motifs conservés et les familles de protéines, les organismes 3. Comparaison, alignement global et local de séquences par la technique de programmation dynamique, matrices de score 4. Recherche de séquences similaires dans les bases de données par la technique de la table de hachage 5. Alignement multiple global et local (matrices de score à position spécifique, modèle caché de Markov)

	6. Construction d'arbres phylogénétiques (distance et approche cladistique) 7. Analyse transcriptomique à haut début: données RNA seq 8. Analyse métagénomique
Ressources en ligne	Moodle
Bibliographie	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. Les ouvrages Bioinformatics de Mount (CSHL press) et Bioinformatics and functional genomics de Pevsner sont conseillés pour un apprentissage plus approfondi
Autres infos	Ce cours peut être donné en anglais.
Faculté ou entité en charge:	AGRO

Force majeure

Modes d'évaluation des acquis des étudiants	Examen écrit de 3 heures - Moodle

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)

Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [60] en sciences biologiques	BIOL2M1	4		
Master [120] en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire	BBMC2M	4		
Master [120] : bioingénieur en chimie et bioindustries	BIRC2M	4		
Master [120] en statistique, orientation biostatistiques	BSTA2M	4		