

4.00 crédits


30.0 h + 18.0 h

Q2


Cette unité d'enseignement bisannuelle n'est pas dispensée en 2021-2022 !

Langue d'enseignement	Anglais
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Acquis d'apprentissage	<p>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</p> <p>Aujourd'hui, la biologie des systèmes est largement répandue dans les sciences environnementales.</p> <p>1 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.</p> <p>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>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants	<p>Pour le Prof. C. Nieberding (partie transcriptomique), c'est un examen formé de questions ouvertes et écrites.</p> <p>Pour la partie du Prof K. Van Doninck (partie génomique), c'est un rapport écrit (max 5 pages) qui développe un sujet génomique plus en détail.</p> <p>Pour les deux parties des travaux pratiques, il faut remettre un rapport détaillé du TP.</p> <p>Il est nécessaire de participer à toutes les séances de travaux pratiques pour obtenir une cote de TP.</p> <p><i>Attention :</i></p> <p><i>la réussite de l'examen avec un total de 10/20 est conditionnée par la réussite de chacune des parties (deux parties théoriques, deux parties pratiques) avec min 7/20. La cote globale pour le cours sera la cote de la partie ratée si une des parties est cotée à 7/20 ou est encore plus faible.</i></p> <p><i>Des dispenses partielles valables pour les sessions d'une même année académique sont possibles si l'une, mais pas toutes les parties du cours sont réussies (soit 10/20 ou plus), après demande et accord écrit des titulaires (par mail).</i></p>
Méthodes d'enseignement	<p>Cours magistraux en salle ; travaux pratiques avec assistants en salle informatique.</p> <p>Fichiers ppt de support sur plateforme moodle UCL et UNamur.</p>
Contenu	<p>Ce cours est donné par deux titulaires en deux parties.</p> <p>Ce cours a 30 h de volume 1 et 18 heures de volume 2 :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 18 heures volume 1 + 12 heures volume 2 par Prof Van Doninck à UNamur - 12 heures de volume 1 + 6 heures de volume 2 par Prof. Melissa Page à UCLouvain <p>Ce cours est partiellement en lien avec le cours de LBOE2124 Molecular Ecology.</p> <p>Partie Transcriptomique (Prof. Melissa Page, UCLouvain) :</p> <p>Théorie : History : Transcriptomics as one tool in the toolkit box- Why is transcriptomics such a huge success in Evolution and Ecology?</p> <p>Methodology : Experimental procedure - Differences between genomics and transcriptomics - Technological limitations and perspectives of transcriptomics; Another tool in the toolkit box : (e) Quantitative Trait Loci ; Case studies using transcriptomics in Evolutionary Ecology with a focus on studies done with data obtained from the wild : Transcriptomics for understanding the Anthropocene, Stickleback fishes <i>Gasterosteus aculeatus</i> case study, Transcriptomics in butterflies, General conceptual conclusions from these case studies; Conclusions at the methodological level.</p> <p>Partie TP : analyse d'un transcriptome non publié et identification de gènes candidats impliqués dans la production d'un trait physiologique sous sélection sexuelle, la phéromone sexuelle d'un papillon modèle.</p> <p>Partie Génomique (Prof. K Van Doninck, UNamur) :</p> <p>Théorie : - Histoire de la génomique – Évolution des génomes – Les méthodes de séquençage à haut débit – Principes d'assemblage de génomes - Génomique comparative, génomique fonctionnelle – Les applications de la recherche génomique (conférence donnée par Dr. Olivier Jaillon du Genoscope (France) ou autre chercheur qui fait de la recherche de pointe en génomique).</p> <p>Partie TP : Outils informatiques utilisés pour :</p> <p>1/ analyser une protéine d'intérêt – recherche d'homologie par Blast – localisation sur génome – analyse fonctionnelle par Pfam – visualisation 3D par Swissmodel,</p>

	2/ recherche d'amorces par Primer3 et recherche de sites de restriction par Webcutter ou Nebcutter, 3/ alignement et analyse phylogénétique (ML) des gènes homologues de la protéine d'intérêt, 4/ assemblage de génome <i>E.coli</i> en utilisant des données Illumina (différents paramètres sont testés), 5/ analyses de synténie afin d'étudier l'évolution de génomes.
Ressources en ligne	Accédez à la plateforme moodle en ligne de UCLouvain pour les contenus de cours et les infos concernant l'organisation pratique du cours.
Bibliographie	<ul style="list-style-type: none"> • Fichiers ppt des cours; livres et documents de référence sur la plateforme en ligne moodle
Autres infos	<p>Préalables :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 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.
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	4		
Master [60] en sciences biologiques	BIOL2M1	4		