







5.00 crédits	30.0 h + 30.0 h	Q1
--------------	-----------------	----

Enseignants	Dupont Pierre ;
Langue d'enseignement	Anglais
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Préalables	<p>Les étudiants doivent maîtriser les compétences suivantes :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• implémenter et tester une solution sous la forme d'un prototype logiciel et/ou d'un modèle numérique,</li> <li>• démontrer une bonne compréhension des concepts et de la méthodologie de la programmation,</li> <li>• faire un choix justifié entre plusieurs représentations des informations et plusieurs algorithmes pour les traiter,</li> <li>• analyser un problème, proposer une solution informatique pour le résoudre et la mettre en oeuvre dans un langage de haut niveau,</li> <li>• comprendre et savoir appliquer dans des situations variées les concepts de base de probabilités et de l'inférence statistique,</li> <li>• tirer des conclusions fiables à partir de données d'échantillons statistiques,</li> </ul> <p>telles que couvertes dans les cours <a href="#">LEPL1401</a> , <a href="#">LEPL1402</a> et <a href="#">LEPL1109</a>.</p> <p>Les compétences suivantes sont également utiles. Elles sont brièvement revues en début du cours LGBIO2010 :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• comprendre le fonctionnement des organismes vivants à l'échelle de la cellule,</li> <li>• décrire les concepts de la base de la génétique moléculaire</li> <li>• définir les différentes classes de biomolécules ainsi que les processus et structures cellulaires où elles interviennent,</li> </ul> <p>telles que couvertes dans les cours <a href="#">LGBIO1111</a> et <a href="#">LBIR1250A</a></p>
Thèmes abordés	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Introduction à la biologie moléculaire</li> <li>• Recherche dans des bases de données biologiques</li> <li>• Comparaison et alignements de séquences</li> <li>• Recherche de motifs</li> <li>• Modèles de Markov cachés</li> <li>• Technologies et méthodes d'analyse du transcriptome</li> <li>• Méthodes d'inférence de réseaux d'interaction</li> <li>• Algorithmes de construction d'arbres phylogénétiques</li> </ul>
Acquis d'apprentissage	<p><b>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</b></p> <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"> <li>• AA1.1, AA1.2, AA1.3</li> <li>• AA2.2, AA2.4</li> <li>• AA4.3</li> <li>• AA5.3</li> </ul> <p>Plus précisément, au terme du cours, l'étudiant sera capable de :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- maîtriser des concepts de base en biologie moléculaire pour une utilisation pertinente d'outils bio-informatiques,</li> <li>1 - 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,</li> <li>- faire un choix argumenté entre différentes techniques informatiques pour résoudre des problèmes biologiques.</li> </ul> <p>Acquis d'apprentissage transversaux :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 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</li> <li>- S'appuyer à bonne escient sur des informations disponibles dans des bases de données externes (telles que GenBank ou UniProt) régulièrement mise à jour</li> <li>- Maîtriser un environnement logiciel tel que R (Bioconductor).</li> </ul>

<p>Modes d'évaluation des acquis des étudiants</p>	<p>La note du cours se répartit comme suit :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 25% pour les projets effectués pendant le quadrimestre,</li> <li>• 75% pour l'examen final</li> </ul> <p>La note des projets est définitive à l'issue du quadrimestre : il n'y a pas de possibilité de refaire ces exercices en seconde session.</p> <p>L'examen final est, par défaut, un écrit (sur papier ou, le cas échéant, sur ordinateur).</p>
<p>Méthodes d'enseignement</p>	<p>Cours magistraux et projets.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Des projets sont réalisés par groupes de (max) 2 étudiants pour mettre en oeuvre, et adapter au besoin, des algorithmes vus au cours.</li> <li>• Le langage R est utilisé pour réaliser ces projets. Un tutoriel sur R est présenté aux étudiants au début du premier projet.</li> </ul> <p>Les <i>projets</i> se font en ligne sur la plateforme Inginious.</p>
<p>Contenu</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Introduction à la biologie moléculaire</li> <li>• Recherche dans des bases de données biologiques</li> <li>• Comparaison et alignements, simple et multiple, de séquences</li> <li>• Modèles de Markov cachés</li> <li>• Algorithmes de construction d'arbres phylogénétiques</li> <li>• Méthodes d'analyse de l'expression génique (transcriptome)</li> <li>• Sélection de biomarqueurs</li> <li>• Modèles prédictifs</li> </ul>
<p>Ressources en ligne</p>	<p><a href="https://moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=1839">moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=1839</a></p>
<p>Bibliographie</p>	<p>Recommended textbooks - Ouvrages complémentaires conseillés :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>Biological Sequence Analysis : Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids</i>, R. Durbin et al., Cambridge University Press, 1998.</li> <li>- <i>Inferring Phylogenies</i>, J. Felsenstein, Sinauer Associates; 2nd ed., 2003.</li> <li>- <i>Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis</i>, D. Mount, Cold Spring Harbord Laboratory Press, 2nd ed., 2004.</li> <li>- <i>Introduction to Computational Genomics : a case-study approach</i>, N. Cristianini M. Hand, Cambridge University Press, 2007.</li> </ul>
<p>Faculté ou entité en charge:</p>	<p>GBIO</p>

<b>Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)</b>				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [120] : ingénieur civil en science des données	DATE2M	5		
Master [120] : ingénieur civil en informatique	INFO2M	5		
Master [120] en science des données, orientation technologies de l'information	DATI2M	5		
Master [120] en statistique, orientation biostatistiques	BSTA2M	5		
Master [120] : ingénieur civil biomédical	GBIO2M	5		
Master [120] en sciences informatiques	SINF2M	5		
Master [120] : ingénieur civil en mathématiques appliquées	MAP2M	5		