







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

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

<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"> • 25% pour les projets effectués pendant le quadrimestre, • 75% pour l'examen final <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"> • Des projets sont réalisés par groupes de (max) 2 étudiants pour mettre en oeuvre, et adapter au besoin, des algorithmes vus au cours. • Le langage R est utilisé pour réaliser ces projets. Un tutoriel sur R est présenté aux étudiants au début du premier projet. <p>Les <i>projets</i> se font en ligne sur la plateforme Inginious.</p>
<p>Contenu</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Introduction à la biologie moléculaire • Recherche dans des bases de données biologiques • Comparaison et alignements, simple et multiple, de séquences • Modèles de Markov cachés • Algorithmes de construction d'arbres phylogénétiques • Méthodes d'analyse de l'expression génique (transcriptome) • Sélection de biomarqueurs • Modèles prédictifs
<p>Ressources en ligne</p>	<p>moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=1839 https://inginius.info.ucl.ac.be/course/LGBIO2010</p>
<p>Bibliographie</p>	<p>Recommended textbooks - Ouvrages complémentaires conseillés :</p> <ul style="list-style-type: none"> - <i>Biological Sequence Analysis : Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids</i>, R. Durbin et al., Cambridge University Press, 1998. - <i>Inferring Phylogenies</i>, J. Felsenstein, Sinauer Associates; 2nd ed., 2003. - <i>Bioinformatics, Sequence and Genome Analysis</i>, D. Mount, Cold Spring Harbord Laboratory Press, 2nd ed., 2004. - <i>Introduction to Computational Genomics : a case-study approach</i>, N. Cristianini M. Hand, Cambridge University Press, 2007.
<p>Faculté ou entité en charge:</p>	<p>GBIO</p>

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