







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).

Modes d'évaluation des acquis des étudiants	<h3>Calcul de la note globale pour le cours</h3> <p>La note du cours se répartit comme suit :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 25% pour les projets effectués en groupes de (max.) 2 étudiants 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. L'examen final est, par défaut, un écrit (sur papier ou, le cas échéant, sur ordinateur).</p> <h3>Règles concernant les collaborations entre étudiants et l'usage de ressources externes</h3> <p>Une collaboration active entre les étudiant.e.s est encouragée lors des séances de suivi de projets et via un forum d'échanges sur Moodle.</p> <p>Chaque groupe de (max.) 2 étudiant.e(s) doit soumettre leur propre solution pour chaque projet. Le recours à des ressources publiques (p.ex. stackoverflow.com), ce-inclus des IA génératives (p.ex. chatGPT) est autorisé pour autant que chaque (fragment de) code soumis par chaque groupe mentionne toutes les ressources utilisées.</p> <p>La diffusion ou l'échange entre groupes d'étudiants de (fragments de) code ne sont pas autorisés par quelque moyen que ce soit (GitHub, Facebook, Discord, ...) et ce même après la date limite de remise des projets.</p> <p>Le non-respect de ces règles pour n'importe quel projet peut entraîner une note globale de 0 pour l'ensemble des projets.</p> <p>Ces règles sont exposées et détaillées lors du premier cours (voir site Moodle du cours).</p>
Méthodes d'enseignement	<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>
Contenu	<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
Ressources en ligne	<p>moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=1839 https://inginius.info.ucl.ac.be/course/LGBIO2010</p>
Bibliographie	<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.
Faculté ou entité en charge:	GBIO

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		