

Intitulé de l'UE	Modélisation bioinformatique
Section(s)	- (8 ECTS) Bachelier en Biotechnique / Cycle 1 Bloc 2 option Bioinformatique

Responsable(s)	Heures	Période
David COORNAERT	95	Quad 2

Activités d'apprentissage	Heures	Enseignant(s)
Compléments de techniques bioinformatiques 1	50h	David COORNAERT
Modélisation des systèmes biologiques 1	45h	David COORNAERT

Prérequis	Corequis
	- Ressources bioinformatiques et implémentation locale

Répartition des heures
Compléments de techniques bioinformatiques 1 : 20h de théorie, 30h d'exercices/laboratoires
Modélisation des systèmes biologiques 1 : 25h de théorie, 20h d'exercices/laboratoires

Langue d'enseignement
Compléments de techniques bioinformatiques 1 : Français
Modélisation des systèmes biologiques 1 : Français

Connaissances et compétences préalables
éléments de statistiques

Objectifs par rapport aux acquis d'apprentissage programme (AAP) Cette UE contribue au développement de la/des compétence(s) suivante(s)
<ul style="list-style-type: none"> • Collaborer à la conception, à l'amélioration et au développement de projets techniques • Apporter les solutions techniques en réponse aux questionnements spécifiques dans le domaine biologique • Maîtriser les outils informatiques et bioinformatiques et en assurer une veille technologique

Acquis d'apprentissage de l'UE:
capacité à exploiter, assembler des génomes sur base des données brutes de séquençage, à en annoter (prédire la fonction) les constituants par l'usage de modèles informatiques.

Contenu de l'AA Compléments de techniques bioinformatiques 1

Ce cours se focalise sur le traitements des données de séquençage.

Il portera sur les méthodes logicielles, les algorithmes, utilisés lors de la phase d'assemblage, ainsi que sur les techniques de séquençages elles-mêmes.

Il inclut également l'installation d'outils complémentaires facilitant l'usage de emboss.

Contenu de l'AA Modélisation des systèmes biologiques 1

Les Hidden markov Models (HMM) ont pris une place importante et remarquable dans l'éventail des outils bioinformatiques. Ces objets informatiques se sont avérés très efficaces dans la plupart des aspects "recherche" de la bioinformatique.

Les apprenants découvriront les modes de fonctionnement théoriques des HMMs et du théorème de Bayes qui les soutient.

Ils expérimenteront la création d'HMM spécifiques à des familles de séquences biologiques et utiliseront ces modèles pour déterminer les fonctions probables de molécules inconnues.

Méthodes d'enseignement

Compléments de techniques bioinformatiques 1 : cours magistral, approche par projets, étude de cas, utilisation de logiciels

Modélisation des systèmes biologiques 1 : cours magistral, approche par projets, approche interactive, approche par situation problème, utilisation de logiciels

Supports

Compléments de techniques bioinformatiques 1 :

Modélisation des systèmes biologiques 1 : copies des présentations

Évaluations et pondérations

Évaluation	Évaluation avec notes aux AA
Pondérations	Compléments de techniques bioinformatiques 1 : 50% Modélisation des systèmes biologiques 1 : 50%
Langue(s) d'évaluation	Compléments de techniques bioinformatiques 1 : Français Modélisation des systèmes biologiques 1 : Français

Méthode d'évaluation de l'AA Compléments de techniques bioinformatiques 1 :

Examen oral 50%
Examen pratique 50%

Méthode d'évaluation de l'AA Modélisation des systèmes biologiques 1 :

Examen pratique 50%
Examen oral 50%

Année académique : **2018 - 2019**