

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 au référentiel de compétences ARES
Cette UE contribue au développement des compétences suivantes
<p>- Bachelier en Biotechnique :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Communiquer et informer <ul style="list-style-type: none"> ◦ Utiliser le vocabulaire adéquat • S'engager dans une démarche de développement professionnel <ul style="list-style-type: none"> ◦ Prendre en compte les aspects éthiques et déontologiques ◦ S'informer et s'inscrire dans une démarche de formation permanente ◦ Développer une pensée critique • Apporter les solutions techniques en réponse aux questionnements spécifiques dans le domaine biologique <ul style="list-style-type: none"> ◦ Exploiter les connaissances de base des sciences du vivant.
<p>- Bachelier en Biotechnique option bioinformatique :</p>

- Maîtriser les outils informatiques et bioinformatiques et en assurer une veille technologique
 - Installer et mettre à jour les suites de logiciels bioinformatiques
 - Identifier les spécificités des logiciels bioinformatiques, adapter leurs paramètres et exploiter leurs fonctionnalités

Acquis d'apprentissage spécifiques

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 les 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 logiciels.

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%	

