

Biological databases and analysis of macromolecular sequences

Titulaire

Didier GONZE (Coordonnateur)

Mnémonique du cours

INFO-F434

Crédits ECTS

5 crédits

Langue(s) d'enseignement

Anglais

Période du cours

Premier quadrimestre

Campus

Plaine

Contenu du cours

Les bases de données constituent la réponse informatique au stockage et à la gestion de l'information. Le cours donnera un aperçu des bases de données biologiques et à leur structure. Un accent particulier sera mis sur les problèmes d'annotation et de fiabilité des données. Dans la partie analyse de séquences, nous discuterons (1) les méthodes d'alignement des séquences d'ADN et de protéines (dot plot, alignement entre paires de séquences, alignement multiple), (2) la recherche de séquences dans des bases de données (BLAST), (3) la représentation et la recherche de motifs dans les séquences macromoléculaires, et (4) la prédiction de certains éléments de structure tridimensionnelle sur base de la composition des séquences. Différents algorithmes d'analyse de séquences seront décrits et comparés. L'implémentation de certains de ces algorithmes fera l'objet de travaux pratiques (supervisés par A. Cnudde). Le cours introduira aussi quelques notions de statistique liées à l'analyse et à la comparaison de séquences.

Objectifs (et/ou acquis d'apprentissages spécifiques)

Le but de ce cours sera de fournir aux étudiants une introduction aux bases de données biologiques ainsi qu'aux méthodes d'analyse des séquences de macromolécules biologiques (ADN, ARN et protéines).

Méthodes d'enseignement et activités d'apprentissages

5 ECTS (théorie: 3, exercices: 0, travaux pratiques: 2, travaux personnels: 0)

Contribution au profil d'enseignement

- > S'approprier les concepts et les connaissances fondamentales d'informatique et de biologie nécessaires à l'élaboration de projets bioinformatiques ou de modélisation.
- > Maîtriser les approches mathématiques, statistiques et informatiques sur lesquelles se fondent les études bioinformatiques et de modélisation.
- > Pouvoir utiliser les ressources bioinformatiques existantes et développer de nouveaux logiciels (algorithmes, bases de données, outils d'analyses, etc.).
- > S'inscrire dans une démarche rigoureuse, innovante et interdisciplinaire.

Références, bibliographie et lectures recommandées

Understanding Bioinformatics, M. Zvelebil and J. Baum, Garland Science textbooks, 2007

Support(s) de cours

Université virtuelle

Autres renseignements

Lieu(x) d'enseignement

Plaine

Contact(s)

Didier Gonze

Unité de Chronobiologie Théorique

Service de Chimie Physique CP 231

Bureau: Campus Plaine, Bâtiment NO, 5ème étage, local 2.0.5.214

Email: dgonze@ulb.ac.be

Méthode(s) d'évaluation

Examen écrit et Travail pratique

Construction de la note (en ce compris, la pondération des notes partielles)

La note prendra en compte l'évaluation des travaux pratiques (50%) et l'examen écrit (50%). En cas d'échec dans une des deux parties c'est la note de cette partie qui constituera la note finale. En 2ème session, l'étudiant pourra alors soit conserver la note de la partie réussie en 1ère session, soit représenter cette partie. En cas d'échec dans les deux parties en 1ère session, c'est la note la plus basse qui constituera la note finale et l'étudiant devra représenter les deux parties en 2ème session.

Aucun report de note sera effectué d'une année académique à l'autre. En cas de non validation de l'unité d'enseignement lors d'une année académique, l'ensemble des travaux pratiques devront être refait et l'examen oral devra être repassé l'année académique suivante.

Langue(s) d'évaluation principale(s)

Français et Anglais

Programmes

Programmes proposant ce cours à la faculté des Sciences

MA-BINF | Master en bioinformatique et modélisation | finalité
Approfondie/bloc 1

