

Denis BAURAIN – Portfolio pédagogique

Version 2 / Mars 2014



Unité de Phylogénomique des Eucaryotes

DER Sciences de la Vie – ULg

A. RUBRIQUES DE BASE

1. Plan

La table des matières produites par Word a été annotée pour guider le lecteur à travers ce portfolio.

Si les considérations pédagogiques générales s’appliquent à l’ensemble de mes enseignements, les parties plus réflexives sont centrées sur les cours où les populations étudiantes ne se comptent pas sur les doigts d’une seule main : *Microbiologie (partim 1 : Algologie et mycologie)*, *Bioinformatique* et *Méthodes de phylogénie*. J’ai par ailleurs réservé une large place dans ce travail à mon cours de *Compléments de microbiologie : Protistologie*, puisque c’est celui pour lequel j’ai mené une « vraie » réflexion pédagogique avec l’aide de l’IFRES (séminaire de mise en œuvre personnalisé).

Enfin, j’ai inclus une série de commentaires sur la nécessité de former les biologistes à la bioinformatique, ainsi que sur la mise en pratique de cette conviction : la finalité spécialisée en *Bioinformatique et Modélisation* et la formation FOREM sur les *Outils de la Bioinformatique*.

A. RUBRIQUES DE BASE 2

1. Plan 2

2. Présentation 4

2.1. Contexte professionnel 4

❖ *Filières et thématiques d’enseignement, populations étudiantes et liste raisonnée de mes cours.*

2.2. Vision de l’enseignement 5

❖ *Aspirations professionnelles, complémentarité recherche/enseignement, intentions d’enseignement, messages principaux et projet pédagogique.*

3. Implication en pédagogie 6

3.1. Formations IFRES 6

❖ *Liste des formations suivies, compte-rendu des séminaires de mise en œuvre, réflexions sur les séances en présentiel et la journée de l’IFRES, applications à mes enseignements, conseils aux nouveau encadrants.*

3.2. Implication ou innovation pédagogique au sein de ma faculté et de mon institution 9

❖ *Participation aux cours de collègues, philosophie et premier bilan de la finalité spécialisée en Bioinformatique et Modélisation du M2 BBMC, philosophie et premier bilan de la formation INBTBI sur les Outils de la Bioinformatique du FOREM, activités de coaching d’étudiants et accueil de stagiaires.*

4. Souci de qualité pédagogique 11

❖ *Grille HERDSA commentée et références aux éléments de preuve du portfolio.*

B. RUBRIQUES COMPLEMENTAIRES 15

5. Engagements pédagogiques 15

❖ *Copie des engagements pédagogiques de tous mes cours tels qu’apparaissant sur le site programmatique de l’Université de Liège.*

6. Analyse de pratiques	36
6.1. Analyse d'une séquence de cours ou d'une évaluation.....	36
❖ <i>Tâches réalisées dans le contexte du séminaire de mise en œuvre personnalisé visant à concevoir le scénario pédagogique et à rédiger l'engagement pédagogique de mon cours de Protistologie : définition d'objectifs selon la taxonomie de Bloom révisée, sélection et planification des méthodes et activités d'apprentissage, rédaction de l'engagement pédagogique.</i>	
6.2. Analyse de mes supports à l'apprentissage	47
❖ <i>Exemples de supports pédagogiques tirés de mes cours de Microbiologie, Méthodes de phylogénie et Bioinformatique : résumés à trous et figures à compléter, exercices d'application, défis applicatifs ou de mise en situation, questionnaires d'examen.</i>	
6.3. Evaluations des mes enseignements	65
6.3.1. Méthodes de phylogénie	65
6.3.2. Microbiologie (partim 1 : Algologie et mycologie)	65
6.3.3. Bioinformatique.....	66
6.3.4. Compléments de microbiologie : Protistologie	67
7. Annexes	68
7.1. Extrait de ma candidature à la charge de « <i>Phylogénomique des Eucaryotes</i> »	68
7.2. Extrait du Plan Stratégique 2012–2017 du Département des Sciences de la Vie	69
7.3. Feuillet de présentation de la formation INBTBI	70
7.4. Exemples de travaux créatifs d'étudiants.....	72
❖ <i>Copies de quatre travaux réalisés dans le cadre de mon cours de Protistologie (2012–2014).</i>	

2. Présentation

2.1. Contexte professionnel

J'enseigne en Faculté des Sciences à un public essentiellement composé de biologistes. Après leur BAC, les futurs biologistes ont le choix entre une filière « *Biochimie et Biologie Cellulaire et Moléculaire* » (BBMC) les destinant au travail de recherche en laboratoire ou une filière « *Biologie des Organismes et Ecologie* » (BOE) à vocation plus naturaliste et écologique. A côté de ces deux orientations principales, il existe d'autres filières, dont un Master en « *Bioinformatique et Modélisation* » (BIM) organisé conjointement avec la Faculté des Sciences appliquées.

En ce qui me concerne, je dispense des cours obligatoires au BAC3 et en M1 BBMC, BOE et BIM, ainsi que des cours optionnels en M1 BBMC et en M2 BBMC et BOE. Je suis en outre le coordinateur de fait et le secrétaire du jury d'une finalité spécialisée « *Bioinformatique et Modélisation* » en M2 BBMC, cette dernière se voulant complémentaire à l'offre du Master BIM.

Mon profil est un peu atypique dans la mesure où mes cours font le grand écart entre la biologie et l'informatique. En effet, je suis titulaire de deux cours de **microbiologie**, trois cours de **phylogénie et génétique de l'évolution**, un cours de **bioinformatique** et trois cours de **programmation**. Par ailleurs, j'appartiens au département organisant le Master BBMC (DER Sciences de la Vie), alors que mes recherches parlent parfois davantage à un public versé dans la biodiversité et l'évolution.

Je n'enseigne pas à de grandes populations et mon groupe le plus important compte une cinquantaine d'étudiants (Microbiologie au BAC3 BIO). En M1 et M2, les classes comprennent entre 4-5 et 19-24 étudiants (chiffres 2012-2014), selon que les cours soient à option ou obligatoires. Enfin, en finalité spécialisée BIM, je n'ai que trois étudiants, mais ils requièrent un important travail de coaching individuel. Au total, j'enseigne à **une centaine d'étudiants** différents, certains jusqu'à trois années de suite, ce qui me permet de les connaître presque tous individuellement.

Mes cours sont soit purement théoriques, soit additionnés de travaux pratiques en laboratoire ou de travaux dirigés sur ordinateur, soit encore purement dirigés (finalité spécialisée BIM). Pour les travaux pratiques et dirigés, je bénéficie de l'aide précieuse de deux collaborateurs polyvalents : mon assistant, M. Damien SIRJACOBS, et ma secrétaire/technicienne, Mme Rosa GAGO.

Le **TABLEAU 1** reprend ma charge de cours de façon synthétique (MICRO : module « *Microbiologie et Immunologie* » ; SET : semaine thématique ; FSBIM : finalité spécialisée en « *Bioinformatique et Modélisation* »). Les engagements pédagogiques de tous ces cours (comprenant entre autres leur description détaillée et une table des matières) sont présentés à la **SECTION 5** de ce portfolio et disponibles en ligne : <http://prog.cours.ulg.ac.be/cocoon/enseignant/U016721.html>.

Thématique	Cours	Année
Microbiologie	Microbiologie (partim 1 : Algologie et mycologie)	BAC3 BIO
	Compléments de microbiologie : Protistologie	M1 BBMC (MICRO)
Phylogénie et génétique de l'évolution	Méthodes de phylogénie	M1 BOE/BIM
	Phylogénie des eucaryotes	M2 BOE (optionnel)
	Génétique et évolution	M2 BBMC (SET)
Bioinformatique	Bioinformatique	M1 BBMC
Programmation	Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique	M2 BBMC (FSBIM)
	Introduction à la programmation sous Linux	M2 BBMC (FSBIM)
	Introduction aux bases de données pour la biologie	M2 BBMC (FSBIM)

Tableau 1. Synthèse de ma charge de cours (organisée par thématique).

2.2. Vision de l'enseignement

Quoique cela puisse sembler étrange, le métier de professeur d'université répond chez moi à une vocation remontant à la petite enfance (c'est-à-dire devenir un « savant »). Et même si la vision romantique du savant autonome (solitaire ?) de mes jeunes années a dû céder la place au chercheur travaillant en équipe et aux collaborations internationales indissociables de la « Big Science » du XXI^{ème} siècle, je dois dire que je ne regrette pas le moins du monde mon choix de carrière.

Parmi les principaux attraits de la profession, je retiens non seulement l'excitation de contribuer à faire reculer les frontières de la connaissance, mais aussi la joie de partager ce savoir avec les nouvelles générations. Autrement dit, j'accorde beaucoup de valeur à la nécessaire et fructueuse **complémentarité** entre les volets **recherche** et **enseignement** de mon travail. J'apprécie surtout l'obligation de culture générale de la discipline qu'impose le fait de donner cours, et ce même si la variété de mes attributions rend l'exercice difficile.

Dans mes enseignements, je m'efforce de faire découvrir des **concepts** théoriques et des **raisonnements** sophistiqués plutôt que d'énumérer des collections de faits, comme la biologie s'y cantonne trop souvent en raison de sa nature essentiellement descriptive. C'est pourquoi mes cours alternent exposés *ex cathedra* et activités d'apprentissage plus interactives au sein d'une même séance. J'ai ainsi quelques messages « forts » que je martèle avec insistance dans mes différents cours, avec l'espoir que les étudiants finissent par se les approprier.

Ces messages concernent l'incroyable **diversité** de la Vie sur notre planète (en particulier des microbes), les relations de **parenté** (parfois improbables) liant les organismes contemporains et les **mécanismes** évolutifs ayant présidé à leur apparition. Dans ce cadre, je m'attache à démontrer que la biologie est avant tout une science de la **comparaison** à des fins de classification et d'induction et

à démonter les **préjugés** entourant les notions de complexité et de progrès qui polluent souvent la compréhension de la théorie de l'**évolution**. Enfin, je mets en perspective les connaissances actuelles avec les étapes précédentes du **savoir** scientifique afin de rappeler que notre conception du monde, quoiqu'optimale à l'instant *t*, reste toujours **provisoire**.

D'une façon plus générale, mon projet pédagogique pour les prochaines années consiste en deux points : (1) injecter davantage de culture de la biodiversité et du « fait évolutif » dans les cursus de biologie (par exemple, cesser de raisonner uniquement en termes de plantes et d'animaux ou de penser qu'une levure est un organisme primitif car simple d'apparence) et (2) convaincre les étudiants de l'impérieuse nécessité de se former à la bioinformatique en ces temps où des instruments de laboratoire toujours plus automatiques et performants déversent des monceaux de données à un rythme effréné. Ce deuxième aspect est abordé un peu plus en détail à la **SECTION 3.2**.

3. Implication en pédagogie

3.1. Formations IFRES

Le **TABLEAU 2** dresse la liste des formations IFRES que j'ai suivies depuis ma prise de fonction comme Chargé de cours (Octobre 2011). A côté des séances en présentiel valant un crédit de formation, la 6^{ème} journée annuelle de l'IFRES du 13 mai 2013 « comptait » pour deux crédits, tandis que les modules IFRE0078-1 et IFRE0004-1 m'ont été crédités au travers d'un séminaire de mise en œuvre personnalisé sous la supervision de M. Laurent LEDUC et Mme Virginie STAELENS.

Date	Code	Intitulé
13/05/2013	(2 crédits)	<i>Journée IFRES : « Mon enseignement, je l'évalue, il évolue »</i>
18/03/2013	IFRE0078-1	<i>Concevoir le scénario pédagogique de son cours</i>
18/02/2013	IFRE0082-1	<i>Séminaire de mise en œuvre : créer mon portfolio d'enseignement</i>
04/02/2013	IFRE0004-1	<i>Un guide pour l'enseignant, un guide pour l'étudiant : l'engagement pédagogique</i>
23/04/2012	CDSU0011-1	<i>Enseigner à des étudiants non acquis à la matière</i>
07/02/2012	IFRE0009-1	<i>Motiver mes étudiants</i>
26/01/2012	IFRE0060-1	<i>Un « bon » enseignant ? Quelques pistes de développement professionnel</i>
13/12/2011	IFRE0003-1	<i>Faire concorder ses objectifs, ses méthodes et ses évaluations</i>
26/10/2011	IFRE0001-1	<i>Accueil - Planifier mon programme de formation !</i>

Tableau 2. Formations IFRES suivies depuis ma prise de fonction (10 crédits).

En ce qui concerne le séminaire de mise en œuvre **personnalisé**, qui s'est déroulé sur quatre semaines au printemps 2013, je suis très satisfait. Concrètement, il s'agissait pour moi de concevoir le scénario pédagogique et de rédiger l'engagement pédagogique de mon cours de « *Compléments de microbiologie : Protistologie* » (MICR0005-1) dispensé à la dizaine d'étudiants de M1 BBMC du module « *Microbiologie et Immunologie* ». (Les divers documents élaborés à cette occasion sont disponibles à la **SECTION 6.1** de ce portfolio.)

La méthode de travail proposée m'a permis de prendre le temps de réfléchir aux objectifs et de sélectionner les méthodes et activités d'enseignement les plus adaptées à la configuration de mon cours. Et même si la charge de travail incombant à un jeune enseignant m'a obligé à préparer chaque séance dans l'urgence, disposer d'un plan raisonné du cours dans sa **globalité** m'a été d'une grande utilité pour garder le cap. Par ailleurs, j'ai pu « vendre » ce plan sous forme de « *roadmap* » animée lors de la première séance de cours, ce qui s'est avéré efficace pour motiver les étudiants à cette matière a priori peu attirante. La présentation est disponible en ligne :

<http://prezi.com/agzmoduwd-lq/>

Cette année académique 2013–2014 est la deuxième où je dispense ce cours sous cette nouvelle forme. J'y ai pratiqué quelques aménagements, mais à la marge. Par ailleurs, je viens de recevoir les évaluations pédagogiques pour l'année 2012–2013 et elles sont très favorables. Celles-ci seront examinées plus avant à la **SECTION 6.3.4** de ce portfolio.

D'autres de mes enseignements pourraient certainement bénéficier de pareille réflexion de fond. Je pense notamment aux cours de « *Bioinformatique* » (BIOL0008-1) et de « *Méthodes de phylogénie* » (GENE0448-1), respectivement dispensés au M1 BBMC et au M1 BOE, mais aussi à mon cours de « *Microbiologie (partim 1 : Algologie et mycologie)* » du BAC3 BIO (cf. **SECTION 5**). Il va de soi qu'un de mes objectifs pour les années à venir est de leur appliquer le même traitement.

En effet, même si tous trois ont atteint un niveau de maturité plutôt satisfaisant depuis leur première incarnation en 2011–2012, ils n'ont jamais été réexaminés dans leur globalité. Pourtant, ils souffrent, selon moi, d'un certain déséquilibre dans la répartition temporelle des différents types d'activités d'apprentissage. De plus, je ne suis pas convaincu que leur **alignement** pédagogique (cf. IFRE0003-1) soit optimal, en particulier pour le cours de Microbiologie de BAC3 BIO, qui est évalué par un QCM attaché à des points de détails, alors que mes objectifs et méthodes d'enseignement insistent davantage sur les concepts et les raisonnements (cf. **SECTION 2.2**).

Parmi les autres modules de formation suivis, j'ai beaucoup appris du séminaire de mise en œuvre sur le portfolio d'enseignement (IFRE0082-1) « coaché » par M. Pascal DETROZ et Mme Virginie STAELENS. Étale sur deux séances présentiels, ce séminaire m'a permis de rédiger la première mouture du présent portfolio. Depuis lors, j'ai reçu à son sujet un feed-back formatif détaillé et des pistes d'amélioration concrètes que j'ai appliquées à cette nouvelle version. C'est pourquoi ce document se veut surtout **réflexif** et non simplement descriptif des objectifs et contenus de mes cours. De fait, ces informations se trouvent déjà dans mes engagements pédagogiques et je ne vois pas l'utilité de les paraphraser ici (cf. **SECTION 5**).

J'ai également apprécié les séances plus classiques en présentiel, en particulier leur dimension théorique. Je les ai trouvées stimulantes et suscitant l'introspection, mais pas tellement

« opérationnelles », c'est-à-dire manquant d'applicabilité immédiate. Personnellement, cet aspect ne m'a pas trop manqué car j'ai déjà une certaine expérience de l'enseignement et je cherchais avant tout un cadre théorique dans lequel inscrire et améliorer mes pratiques. A mes yeux, ce « défaut » illustre toutefois la difficulté de généraliser un discours pédagogique à des situations et publics très divers tout en faisant complètement abstraction des cultures facultaires (par ex. jeunes assistants vs. chargés de cours, cours théoriques vs. travaux pratiques, BAC1 vs. BAC2/3 ou BAC vs. Master, 400+ étudiants vs. 10 étudiants, Faculté des Sciences vs. Faculté de Philosophie et Lettres etc.).

La 6^{ème} journée annuelle de l'IFRES (consacrée à l'évaluation des enseignements), à laquelle j'ai assisté en mai 2013, tentait de contourner cette difficulté en proposant différents ateliers selon la taille des groupes étudiants concernés (j'ai suivi celui sur les petits groupes). L'effort était louable et j'ai trouvé les exposés intéressants dans l'ensemble, mais à nouveau, le mélange des genres (différences entre pratiques facultaires) a fait que je n'en ai pas retiré de « recettes magiques ».

En lien avec cet aspect, j'aurais aimé suivre le module IFRE0106-1 « *Questionner mes pratiques pédagogiques à la lumière de l'état de l'art et des méta-analyses* » puisque sa fiche de présentation fait explicitement référence à ce type de problématique. (C'est d'ailleurs une des activités majeures des biologistes que de devoir extraire les facteurs sous-jacents d'une forêt de particularités.) Toutefois, ce ne sera pas pour cette année car je donne cours le jour de la formation.

Pour en terminer avec les séances en présentiel, je décernerais une mention spéciale au module (CDSU0011-1) « *Enseigner à des étudiants non acquis à la matière* » où l'enthousiasme des différents intervenants était communicatif et stimulant, ainsi qu'à celui sur la triple concordance (= alignement pédagogique) de M. Laurent LEDUC (IFRE0003-1), qui m'a fait prendre conscience de l'inadéquation de certaines de mes méthodes d'évaluation (cf. plus haut).

En résumé de mon expérience personnelle, l'offre de formations IFRES est pertinente et peut éclairer les jeunes enseignants inexpérimentés. Pour ma part, cependant, les séminaires de mise en œuvre se sont révélés plus utiles. J'encouragerais donc les encadrants avec un peu de pratique à ne pas choisir la facilité en se contentant de suivre « passivement » une dizaine de séances en présentiel, mais au contraire de **s'investir** dans un ou plusieurs séminaires susceptibles d'influer concrètement sur leurs enseignements. Les formateurs IFRES sont très ouverts par rapport aux demandes de soutien personnalisé et il est sans conteste plus facile de s'attaquer à de grands changements dans ses cours en étant « coaché » adéquatement.

Cela dit, se former étant un processus plutôt qu'un objectif à atteindre, je continuerai avec plaisir à suivre les modules qui me semblent attirants. C'est ainsi que je me suis inscrit à deux séances « surnuméraires » (en termes de crédits) pour cette année 2013–2014 :

- **19/05/2014** : IFRE0063-1 — *Les cartes conceptuelles, un outil de développement et d'évaluation de performances complexes : principes, impacts et manipulations*
- **16/06/2014** : IFRE0068-1 — *Accompagner des étudiants doctorants : cadre ULg, témoignages et réflexions*

3.2. Implication ou innovation pédagogique au sein de ma faculté et de mon institution

Au-delà de mes propres enseignements, j'interviens ponctuellement dans le cours de certains collègues pour introduire une première fois les messages « forts » mentionnés plus haut, par ex. au BAC2 BIO au sujet de la kleptoplastie (cours de M. Patrick MOTTE). Cette année, je projette aussi de dispenser une séance sur la diversité génétique de l'homme moderne à des étudiants de BAC1/2 en psychologie, sociologie et anthropologie (cours de M. Pascal PONCIN).

En 2011–2012, en tant que membre du Conseil de études du Master BBMC, j'ai participé activement à la réforme du programme de M1. C'est aussi moi qui ai conçu le programme de la finalité spécialisée « *Bioinformatique et Modélisation* » du M2. Pour ce faire, je me suis inspiré de la position unique que me donne ma double casquette d'informaticien et de biologiste.

L'une des idées-clés sous-tendant la finalité spécialisée est d'encourager les unités de recherche « expérimentalistes » à proposer des sujets de TFE nécessitant une approche bioinformatique et de co-encadrer les étudiants avec les responsables de celles-ci. A moyenne échéance, le but est d'introduire durablement cette discipline émergente dans chaque laboratoire au travers de doctorants issus de cette filière, plutôt que d'entretenir l'idée néfaste assez répandue qu'un biologiste pourrait déléguer des analyses critiques à un bioinformaticien sans véritables enjeux ni conséquences sur les résultats de ses recherches. Pour illustrer la réflexion à la base de cette démarche, les **SECTIONS 7.1** et **7.2** présentent respectivement des extraits pertinents de ma candidature à la charge de cours que j'occupe actuellement (*Phylogénomique des Eucaryotes*), ainsi que du Plan Stratégique 2012–2017 du DER Sciences de la Vie.

Au cours de l'année académique 2012–2013, ayant vu son lancement, trois étudiants se sont inscrits à la finalité spécialisée « *Bioinformatique et Modélisation* ». En cette année 2013–2014, elle compte à nouveau trois étudiants. J'avoue que je m'étais attendu à une progression un peu plus rapide sans pour autant avoir d'objectif chiffré. Mon sentiment est que le message ne passe pas très bien auprès des étudiants car ils sont encore trop tôt dans leur parcours scientifique pour se rendre compte de la nécessité pour un biologiste « moderne » de maîtriser l'informatique. D'après les évaluations pédagogiques de mon cours de « *Bioinformatique* » de M1 BBMC, par ailleurs très positives, un des obstacles est que la matière apparaît trop théorique. Par contre, le cours de « *Bioinformatique appliquée* » (BIOC0717-2) de M. Bernard JORIS, dispensé dans l'année supérieure (M2 BBMC) et fonctionnant en quelque sorte comme un complément pratique à mon propre cours, ouvre les yeux de certains étudiants quant à l'utilité de la bioinformatique au quotidien — hélas trop tard pour les orienter vers la finalité spécialisée. Il y a là matière à réflexion et j'espère que le récent recrutement par notre département d'un second chargé de cours en bioinformatique (M. Patrick MEYER, en janvier 2014) va nous permettre de conscientiser plus efficacement nos futurs étudiants.

Ironiquement, une fois exposés au déluge de données inhérent à tout projet de recherche contemporain (par ex. 100 GB de séquences à haut débit « qu'on ne peut même pas ouvrir dans *Windows...* »), les doctorants qui me sollicitent pour les guider dans leurs analyses bioinformatiques se font chaque année plus nombreux. A ce stade, il ne m'est pourtant pas toujours possible de leur venir en aide en raison de leur manque de compétence combiné à ma charge de travail. C'est pourquoi, en collaboration avec le Centre de formation en Biotechnologie du FOREM (M. Laurent CORBESIER et Mme Rachel NAVET) installé dans la tour GIGA, j'ai conçu une formation de

« rattrapage » à la bioinformatique à destination des futurs doctorants (et des doctorants en début de thèse). Financée par le pôle BioWin, cette formation est aussi accessible aux demandeurs d'emploi dans les Sciences de la Vie, notamment des docteurs en recherche d'un nouveau contrat. Concrètement, c'est moi qui ai suscité la réflexion quant au public cible, conçu le programme général, défini les contenus des six modules techniques et recruté les intervenants. J'ai en outre dispensé le principal module du programme (*Perl Moderne* ; 10 demi-journées). Cette année, la formation offrait 184 heures de cours réparties sur 23 jours (essentiellement chaque lundi et vendredi) entre octobre et décembre 2013. Nous avons formé 11 stagiaires (la douzième ayant accouché prématurément en début de formation) et les retours de leur part ont été excellents. Dès lors, la prochaine itération est déjà planifiée selon la même formule et à la même période en 2014. Pour information, le feuillet de présentation est disponible à la **SECTION 7.3**.

Enfin, comme attendu de tout enseignant universitaire, j'accueille chaque année dans mon unité de recherches des stagiaires et mémorants universitaires et de hautes écoles, ainsi que des doctorants. Je collabore aussi au cours de « *Formation à la communication scientifique* » de BAC3 BIO (STRA0044-1 ; coordonné par MM. Jacques DOMMES et Patrick MOTTE) en proposant des articles à analyser par les étudiants et en les « coachant » en vue de la réalisation d'un poster et d'un exposé oral présentant les articles en question.

En ce qui concerne les étudiants en stage dans mon laboratoire, je mets un point d'honneur à ce qu'ils aient toujours un projet personnel à réaliser de A à Z, plutôt que de seconder un de mes mémorants ou doctorants durant quelques semaines. Il est vrai que la bioinformatique est une discipline qui permet plus facilement ce genre de démarche que la biologie moléculaire ou la biochimie. De plus, afin que les stagiaires soient dans les meilleures conditions pour découvrir la bioinformatique, j'ai commandé deux ordinateurs portables sur lesquels nous installerons Linux et les principaux programmes du domaine. Ces « *laptops* » seront prêtés aux étudiants pour la durée de leur stage (et la rédaction de leur rapport), de sorte qu'ils ne soient plus contraints d'utiliser leur machine personnelle avec les risques que toute installation de logiciels un peu complexes fait peser sur un ordinateur « grand public ».

4. Souci de qualité pédagogique

Le **TABLEAU 3** reprend les items HERDSA (*Higher Education Research and Development Society of Australasia*) qui m'interpellent et pour lesquels je développe déjà des stratégies actives dans mes enseignements. Dans la colonne centrale, j'explique pourquoi j'ai choisi un item, autrement dit mes « valeurs » en tant qu'enseignant, tandis que, dans la colonne de droite, j'explique comment cet item se traduit concrètement dans mes cours, c'est-à-dire mes « pratiques » d'enseignement.

Item HERDSA	Justification	Application à mes enseignements
10 (apprentissage mutuel et travail en groupe)	La coopération entre individus est une valeur essentielle à mes yeux, surtout dans notre société « post-moderne » où individualisme et compétition sont davantage valorisés que solidarité et entraide.	<p>Mes cours sont parsemés d'activités en dyades ou en groupes de 3-4 étudiants, dont les productions sont mises en commun en fin de séance. Dans certains cas, l'activité est réalisée plusieurs fois en parallèle, tandis que dans d'autres, l'objet des recherches est partagé entre les différents groupes, ce qui permet de co-construire la matière vue au cours. Ainsi, il arrive que chaque groupe rédige un résumé de sa partie destiné à intégrer un « syllabus » commun.</p> <p>J'encourage aussi l'échange de notes de cours informelles entre mes étudiants. A terme, celles-ci seront peut-être revues par mes soins et validées comme notes officielles, mais j'hésite car je ne voudrais pas que leur « perfection » et mon « <i>imprimatur</i> » découragent les étudiants à assister à mes cours.</p>
14 (incitation à la recherche et à l'implication dans les études)	Je conçois les études scientifiques en général (et de biologie en particulier) non pas uniquement comme un choix rationnel (ou même par défaut), mais aussi comme une sorte de « vocation » qu'il est important d'entretenir chez les étudiants.	<p>Je sélectionne mes méthodes et activités d'apprentissage de façon à faire passer le message que les concepts et les raisonnements sont plus importants que les éléments factuels et que mes objectifs vont au-delà de la simple restitution.</p> <p>Je m'efforce également d'aborder des thématiques de recherche récentes dans mes cours, et ce même dans mes</p>

	<p>enseignements de base afin de montrer la « Science en marche » et de donner l'envie aux étudiants d'aller plus loin.</p>
<p>18 (exercice au regard critique sur les connaissances et pratiques admises de la discipline)</p>	<p>L'activité scientifique est une entreprise humaine qui souffre des mêmes limites et travers que toutes les autres. C'est pourquoi il me paraît important d'entraîner les étudiants à rester critiques par rapport à ce qu'on présente parfois à tort (notamment dans les médias grand public) comme les fruits de la « recherche ».</p> <p>Tous mes cours ont une dimension historique, voire épistémologique (par ex. ce qu'on croyait avant et pourquoi ce n'était pas stupide pour l'époque vs. ce qu'on pense maintenant et ce qui nous a fait changer de théorie). Comme élément de preuve, voir par ex. la « ligne du temps » de l'évolution de la classification des protistes réalisée par un étudiant (SECTION 7.4).</p> <p>J'attire aussi l'attention des étudiants sur les conceptions anthropocentristes issues du passé qui brouillent encore trop souvent notre représentation du monde tout en séparant explicitement le domaine d'influence de la Science de la sphère des convictions spirituelles.</p>
<p>19 (explicitation des formes de pensée et d'écriture de la discipline)</p>	<p>Dans un souci d'objectivité, la communication scientifique est très codifiée et celle-ci recourt à des outils de représentation parfois complexes (par ex. le formalisme mathématique). Or, tout scientifique se doit d'être capable d'appréhender efficacement la littérature primaire, ce qui nécessite un entraînement spécifique.</p> <p>Je consacre du temps dans mes cours à faire lire aux étudiants des extraits d'articles scientifiques en anglais, à les décortiquer afin de répondre à des questions précises, voire à les résumer en vue de les étudier.</p> <p>En ce qui concerne les outils de représentation, je travaille spécifiquement l'interprétation des arbres phylogénétiques, qui sont très présents dans la littérature primaire et pourtant souvent mal compris. Je fais cela de façon ludique, sous la forme d'arbres à compléter sur base de leur description textuelle et d'un raisonnement déductif. A titre d'illustrations, voir les documents à la SECTION 6.2.</p>

<p>21 (encouragement au questionnement)</p> <p>Je ne me fais que peu d'illusions sur la clarté totale de mes enseignements, en partie à cause de la complexité des concepts abordés, mais aussi à cause de mes propres limites en tant que pédagogue. J'encourage donc les questions autant que possible.</p>	<p>Je me laisse toujours interrompre de bonne grâce durant mes exposés. Je valorise et réponds à toutes les questions, même celles qui paraissent triviales ou dont les réponses devraient être connues.</p> <p>Dans mes répliques, je m'applique toujours à rappeler d'où vient la réponse en faisant le lien avec mes enseignements précédents ou à venir, voire avec les cours de collègues.</p>
<p>24 (gestion des comportements perturbateurs)</p> <p>J'ai horreur des étudiants inattentifs ou dissipés. Je prends ce type d'attitudes comme autant d'attaques personnelles (comprendre : mon enseignement n'est pas assez intéressant pour en prévenir l'apparition). Il m'est d'ailleurs impossible de ne pas les détecter et de poursuivre comme si de rien n'était.</p>	<p>Aux niveaux où j'enseigne (BAC3-M1/2), les étudiants ont pour la plupart déjà fait leurs preuves quant à leur capacité à suivre un enseignement universitaire. Dès lors, je tente toujours une sortie par le haut à la limite de la manipulation : « Tu es si intelligent, XXX, arrête de faire l'imbécile et donne un coup de main à tes condisciples pour comprendre la matière que tu as toi déjà comprise. » En général, c'est assez efficace et j'use souvent de renforcements positifs vis-à-vis des étudiants moins assidus.</p> <p>D'autre part, la variété des activités d'apprentissage dans mes cours théoriques a aussi pour but d'éviter que les étudiants ne s'ennuient... Quelques exemples d'activités ludiques sont donnés à la SECTION 6.2. Toutefois, je dois bien admettre que la diminution des capacités d'attention observée « depuis mon époque » (où l'on prenait note sans aucune illustration projetée) me déprime un peu — c'est un reflet de mon essence Platonique¹...</p>

¹ <http://plato-dialogues.org/fr/faq/faq003.htm>

<p>32 et 38 (évaluation et amélioration de mes pratiques pédagogiques)</p>	<p>En tant que jeune enseignant, beaucoup de mes cours sont encore finalisés « à l'arraché » durant la nuit précédente. Il arrive donc que certains messages passent plus difficilement. Je peux soit le constater le jour-même, soit à la correction des examens. J'essaie donc d'identifier ces points délicats et d'en améliorer la présentation lors des itérations ultérieures de mes cours.</p>	<p>Après chaque séance de cours, je corrige immédiatement les erreurs repérées dans mes diaporamas (avant de les mettre en ligne) et je note les points qui ont posé problème dans une « <i>TODO List</i> » que je compulse lors de la re-préparation du cours l'année suivante.</p> <p>Je corrige toutes mes évaluations écrites à l'aide d'une grille de correction précise, ce qui m'aide à identifier les problèmes de compréhension, même si, je l'admets, cela vient sans doute un peu tard pour les étudiants concernés. Voir à ce sujet l'exemple d'examen présenté à la SECTION 6.2.</p>
<p>42 et 44 (discussions avec les étudiants et les enseignants)</p>	<p>De par ma position à cheval sur plusieurs orientations et plusieurs disciplines, je suis amené à avoir une vision un peu plus large du métier de biologiste que certains de mes collègues. Afin de partager et alimenter cette vision, je m'efforce de dialoguer avec ceux-ci et de leur rapporter les aspirations étudiantes dont je suis au courant de par mes échanges.</p>	<p>Il m'arrive souvent de m'arrêter quelques minutes dans un cours pour bavarder avec les étudiants et prendre la température de leurs apprentissages. Le plus souvent possible, j'accepte qu'un étudiant me rende visite dans mon bureau sans rendez-vous afin de discuter d'un point de matière ou d'un souci plus général (par ex. d'orientation professionnelle). Avec mes collègues, je fais le maximum pour aller aux séminaires de leurs étudiants et pour discuter des sujets en connexion avec les miens. J'essaie d'assister à toutes les réunions à caractère pédagogique, quitte à « brosser » certaines tâches plus administratives... — non, je plaisante, bien sûr !</p>

Tableau 3. Grille HERDSA

B. RUBRIQUES COMPLEMENTAIRES

5. Engagements pédagogiques

Les pages suivantes présentent les versions actuelles des engagements pédagogiques des neuf cours faisant partie de ma charge (dont trois en co-titulariat et un à deux déclinaisons). Si le lecteur est intéressé par leurs contenus, acquis et activités d'apprentissage, prérequis et corequis, ainsi que par leurs modalités pratiques et d'évaluation, c'est dans ces documents qu'il les trouvera.

Hélas, le système *myULg* ne permet pas d'exporter les engagements pédagogiques dans un format simple à intégrer dans un portfolio (même pour un informaticien). Il faudra donc se contenter de « copier-coller » des sorties PDF, avec des sauts de page malheureux pour certains d'entre eux et, dans tous les cas, un important gaspillage de place.

L'ordre de présentation de mes différents enseignements suit celui de la table ci-dessous (extraite du site « *Programme des cours 2013-2014* » de notre université).


The screenshot shows the profile page for Denis BAURAIN on the University of Liège website. The header includes the university logo and name, and the page title is 'Programme des cours 2013-2014'. The profile section lists the following courses and their status:


Cours enseignés	Description	Titulaire
BIOL0008-1	Bioinformatique	Titulaire
BOTA0410-1	Phylogénie des eucaryotes	Titulaire
GENE0440-1	Génétique et évolution	Titulaire
GENE0448-1	Méthodes de phylogénie	Titulaire
GENE0448-2	Méthodes de phylogénie	Titulaire
INFO0094-3	Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique	Titulaire
INFO0097-2	Introduction à la programmation sous Linux	Titulaire
INFO0099-2	Introduction aux bases de données pour la biologie	Titulaire
MICR0005-1	Compléments de microbiologie : protistologie	Titulaire
MICR0711-1	Microbiologie	Titulaire
	- Partim 1 : Algologie et mycologie	
	- Partim 2 : Bactériologie	
	- Partim 3 : Virologie	

Ne sont repris dans cette liste que les cours de 1er et 2e cycles.

Navigation links: Accueil, Recherche par faculté, Recherche par enseignant, Recherche par cours.

Footer: Administration de l'Enseignement et des Etudiants - Responsable de l'information : Marjorie Maréchal, Direction générale à l'Enseignement et à la Formation - Réalisation MCO


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBLoux | ARLON
Site de l'Université | English version



Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

BIOL0008-1 Bioinformatique

Durée : 25h Th, 20h Pr

Nombre de crédits :

- Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité approfondie, 1re année 3
- Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité didactique, 1re année 3
- Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bio-industrie, 1re année 3
- Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en biochimie industrielle, 1re année 3
- Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bioinformatique et modélisation, 1re année 3
- Master en sciences biologiques 3

Nom du professeur : Denis BAURAIN

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au premier quadrimestre, examen en janvier

Contenus du cours :

A l'heure actuelle, virtuellement toutes les études impliquant de la biologie moléculaire requièrent une importante part d'analyse de données (= bioinformatique). Les bioinformaticiens interviennent à la fois en amont et en aval des biologistes moléculaires, par exemple pour concevoir un plan d'expérimentation statistiquement solide ou pour générer de nouvelles hypothèses à partir de données à haut débit, hypothèses ensuite testées au laboratoire. Cette tendance lourde, surtout liée aux évolutions technologiques (ex. robots) qui permettent de produire toujours plus de données pour moins d'argent et avec moins de main d'œuvre, fait que de nombreux projets de recherche prennent du retard en raison du manque de bioinformaticiens capables d'en exploiter les données. C'est pourquoi il est important que des biologistes se tournent vers la bioinformatique, en particulier pour rester complètement maîtres de leur future recherche.

Dans ce contexte, le cours d'introduction à la bioinformatique vise à sensibiliser les étudiants aux possibilités offertes par cette discipline hybride entre la biologie et l'informatique. Il a notamment pour but de montrer que les bioinformaticiens peuvent se révéler de "vrais" biologistes, mais dont l'outil de prédilection est l'ordinateur en lieu et place de la pipette. Ce cours permettra aux étudiants de prendre conscience du rôle de la bioinformatique et des bioinformaticiens dans la biologie contemporaine. Il conduira sans doute aussi certains à s'intéresser de plus près à ce domaine, par exemple en choisissant de suivre la finalité spécialisée en bioinformatique offerte aux étudiants de M2-BBMC.

- Bases de données génomiques et modèles probabilistes pour les séquences
- Prédiction de gènes chez les procaryotes
- Alignement de séquences
- Heuristiques d'alignement de séquences et d'assemblage de fragments
- Modèles de Markov cachés et prédiction de gènes chez les eucaryotes
- Alignement multiple et profils de séquences
- Variation des séquences d'ADN et distances génétiques
- Quantification de la sélection naturelle
- Inférence phylogénétique
- Génomique comparative
- Microarrays et analyse de l'expression génique
- Détection de motifs dans les séquences

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

- Au terme de ce cours, les étudiants seront capables d'expliquer clairement les fondements statistiques et algorithmiques des approches d'analyse vues en classe. Cela suppose avant tout d'avoir COMPRIS la matière. En ce sens, ce cours est sans doute différent d'autres matières du cursus en biologie, dont la simple restitution à l'examen peut parfois suffire. Le niveau de précision requis dans les explications est généralement celui du livre de référence utilisé (voir ci-dessous), sauf quand les diapositives projetées en classe (qui seront disponibles sur myULg) sont plus complètes que ce dernier. Notez que le "background" biologique des études de cas présentées dans le livre est considéré comme illustratif des méthodes d'analyse et ne fait pas partie de la matière.
- Savoir-faire : Pour certains algorithmes (précisés en classe), une APPLICATION sur papier d'un petit exemple fourni pourra être demandée.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :





Le cours ne suppose pas de prérequis en informatique, mais s'appuie sur une connaissance minimale des mathématiques et de la génétique moléculaire. En principe, le niveau nécessaire dans ces deux matières est celui atteint à la sortie du BAC3 en biologie.

Une complémentarité particulière sera assurée avec le cours de Génomique [GENE0003-1] dispensé au M1-BBMC par le Dr. Marc Hanikenne.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

Les séances se donneront dans une salle de cours. Elles seront d'une durée de 2h et consisteront en un mélange de brefs exposés ex cathedra (30-45 min) et de défis à résoudre en petits groupes d'étudiants. La mise en commun des recherches par groupes sera l'occasion de débattre et de synthétiser les concepts abordés.

Il n'y aura pas de travaux pratiques à proprement parler, mais ceux du cours [BIOC0717-2] "Bioinformatique appliquée" (dispensé par le Prof. B. Joris en M2-BBMC) seront conçus pour utilement compléter ce cours-ci.

-  [Accueil](#)
-  [Recherche par faculté](#)
-  [Recherche par enseignant](#)
-  [Recherche par cours](#)

-16-

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Il s'agit d'un cours en présentiel (voir ci-dessus). Bien que ses thématiques soient essentiellement tirées de l'ouvrage de référence cité ci-dessous, l'assistance au cours est vivement encouragée car celui-ci est conçu de sorte à faciliter la compréhension et l'assimilation de la matière.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Ce cours s'inspire d'un ouvrage de référence [Cristianini N and Hahn MW (2007) Introduction to Computational Genomics, Cambridge University Press]. Ce choix assure une bonne couverture de la bioinformatique (entendue en tant qu'analyse des génomes) tout en fournissant aux étudiants une référence solide mais d'accès aisé. L'acquisition de cet ouvrage n'est toutefois pas requise.

Par ailleurs, à l'issue de chaque séance, les diapositives projetées en classe seront mises à la disposition des étudiants via le portail web myULg.

Modalités d'évaluation et critères :

Examen écrit (session de janvier) comportant trois questions de savoir (théorie à expliquer) et une question de savoir-faire (algorithme à appliquer).


Stage(s) :


Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
 LIÈGE | GEMBLOUX | ARLON
 Site de l'Université | English version



Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

BOTA0410-1 *Phylogénie des eucaryotes*

Durée : 30h Th

Nombre de crédits : [Master en biologie des organismes et écologie, à finalité approfondie, 2e année](#) **3**

Nom du professeur : [Denis BAURAIN](#)

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au premier quadrimestre, examen en janvier

Contenus du cours :

Les techniques de comparaison de séquences moléculaires ont été intensément appliquées à l'énigme de l'évolution des eucaryotes. Pendant une dizaine d'années, les arbres obtenus à partir de l'ARNr de la petite sous unité ribosomique suggéraient que la plupart des eucaryotes étaient apparus simultanément (évolution en couronne), tandis que quelques lignées de "protistes" se seraient différenciées plus tôt. Comme ces lignées basales semblaient essentiellement composées de parasites dépourvus de mitochondrie (ex. microsporidies), l'hypothèse dominante voulait que ces "Archezoa" soient effectivement apparus avant l'acquisition de la mitochondrie -- à la suite de l'endosymbiose d'une bactérie par un de ces proto-eucaryotes amitochondriaux. Toutefois, au tournant du millénaire, un faisceau d'indices convergeants a fini par convaincre les phylogénéticiens que cet arbre était incorrect et que les Archezoa -- s'ils avaient jamais existé -- avaient disparu de nos jours. Parmi ces indices, citons la découverte de mitochondries dégénérées (hydrogénosomes et mitosomes) de même que la présence de gènes d'origine mitochondriale dans les noyaux des prétendus Archezoa. En ce qui concerne la topologie de l'arbre d'ARNr, elle pouvait être expliquée par des artefacts phylogénétiques ayant pour effet de rejeter les espèces à évolution rapide à la base de l'arbre. Plus récemment, l'avènement de la phylogénomique (comparaison de centaines de gènes simultanément) a permis de faire de grand progrès dans la résolution de l'arbre des eucaryotes, notamment en les regroupant en six super-groupes (Opisthokonta, Amoebozoa, Excavata, Plantae, Chromalveolata et Rhizaria), appartenant à deux méga-groupes (unikontes et bikontes) entre lesquels se trouverait l'origine ultime (= racine) des eucaryotes. Cette topologie remaniée a connu un grand retentissement et a même percolé jusque dans les manuels de biologie. Hélas, de nouvelles études phylogénomiques suggèrent aujourd'hui qu'il ne s'agit toujours pas d'une représentation fidèle de l'arbre des eucaryotes, en partie parce que les Chromalveolata ne forment pas un réel super-groupe, mais apparaissent plus éclatés. A présent, l'hypothèse de travail considère trois méga-groupes (unikontes, Excavata et un assemblage composé des Plantae/Chromalveolata/Rhizaria). En supposant que ces groupes soient réels, leur organisation interne reste encore à définir. Dans ce cours, les étudiants seront initiés à la phylogénie des eucaryotes et à ses péripéties au travers d'une sélection d'articles importants ayant jalonné les 30 dernières années de son développement. Ainsi, ils découvriront qui étaient les Archezoa, pourquoi les arbres de l'ARNr étaient incorrects, comment la phylogénomique bute encore sur les super-groupes et pourquoi l'histoire des eucaryotes est si intimement liée au mouvement des chloroplastes.

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

A l'issue de ce cours, les étudiants auront pris conscience de la difficulté à inférer l'origine et l'évolution des eucaryotes, notamment en raison des artefacts phylogénétiques. Ils pourront présenter, argumenter et contraster les différents cadres phylogénétiques proposés au cours des 30 dernières années et en citer les auteurs principaux.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Il serait préférable d'avoir de bonnes bases de "protistologie" (ex. algues et champignons) et de phylogénie moléculaire. En principe, le niveau nécessaire correspond à celui de la 3^e année de baccalauréat en biologie : Microbiologie [MICR0711-1] et Ecologie et biodiversité [BIOL0516-3].

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

Une vingtaine d'articles traitant de la phylogénie des eucaryotes seront distribués aux étudiants. Ceux-ci devront les lire de leur côté et en rédiger la synthèse (voir ci-dessous). Plusieurs consultations avec l'enseignant se tiendront en vue de clarifier les concepts difficiles, discuter de la structure du travail écrit et contrôler son bon état d'avancement. Si plusieurs étudiants sont intéressés par le cours, différents sous-thèmes seront définis en concertation pour éviter les doublons.

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Travail personnel et consultations avec l'enseignant.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Liste d'articles de recherche à définir.





Modalités d'évaluation et critères :

Rédaction d'une dissertation de synthèse du sujet (de 3500 à 4500 mots) suivie d'une défense orale privée. Le travail peut être rédigé en français ou anglais et doit parvenir à l'enseignant au moins une semaine avant la défense (dont la date est à convenir entre les parties).

Stage(s) :

Remarques organisationnelles :


Contacts :


 [Accueil](#)
 [Recherche par faculté](#)
 [Recherche par enseignant](#)
 [Recherche par cours](#)

Denis BAURAIN – Portfolio pédagogique (version 2, Mars 2014)

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be

Administration de l'Enseignement et des Étudiants - Responsable de l'information : [Monique Marouin](#), Direction générale à l'Enseignement et à la Formation - Réalisation [TECO](#)


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version



Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

GENE0440-1 ***Génétique et évolution***

Durée : 25h Th, 25h Pr

Nombre de crédits : [Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité approfondie, 2e année](#) **5**

Nom du professeur : Denis BAURAIN, Pierre CARDOL, Fabrice FRANCK, Claire REMACLE

Coordinateur(s) : Claire REMACLE

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au premier quadrimestre, examen en janvier

Contenus du cours :
Etude intégrée (biochimique et phylogénétique) de l'évolution du métabolisme énergétique (respiration et photosynthèse) chez les algues.

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :
A l'issue de ce cours, les étudiants seront capables d'expliquer les principales méthodes permettant d'appréhender l'évolution du métabolisme énergétique et de discuter de manière critique les connaissances actuelles du domaine.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :
Le cours commencera par une demi-journée d'exposés théoriques introductifs dispensés par les quatre intervenants (diversité et évolution des eucaryotes, évolution de la photosynthèse et de la respiration, génétique extrachromosomique). Les jours suivants seront dévolus à des expériences de laboratoire visant à comparer le métabolisme énergétique chez différents procaryotes et eucaryotes photosynthétiques : (i) mise en évidence des complexes respiratoires sur gel de protéines non-dénaturant de type BNPAGE, (ii) analyses comparatives de pigments photosynthétiques par HPLC, (iii) analyses spectroscopiques de l'activité photosynthétique par imagerie de fluorescence. Parallèlement, l'évolution moléculaire de quelques gènes-clés de ces métabolismes sera examinée au travers d'une série d'analyses phylogénétiques réalisées entièrement sur ordinateur (iv).

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :
Présentiel : Semaine thématique.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :
PowerPoint presentations.





Modalités d'évaluation et critères :
L'examen consistera en la présentation individuelle d'une partie (au choix) des résultats obtenus au cours de la semaine et en leur mise en perspective sur base d'un article de recherche.

Stage(s) :


Remarques organisationnelles :


- Horaire : 9:00h-12:30h et 14:00h-17:00h
- Langue : français
- Nombre d'étudiants : max. 6

Contacts :
Claire Remacle: c.remacle@ulg.ac.be Pierre Cardol: pierre.cardol@ulg.ac.be Fabrice Franck: f.franck@ulg.ac.be Denis Baurain: denis.baurain@ulg.ac.be

 [Accueil](#)
 [Recherche par faculté](#)
 [Recherche par enseignant](#)
 [Recherche par cours](#)

Administration de l'Enseignement et des Étudiants - Responsable de l'information : [Murielle Marcour](#), Direction générale à l'Enseignement et à la Formation - Réalisation [SECI](#)


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version



Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

GENE0448-1 *Méthodes de phylogénie*

Durée : 15h Th, 10h Pr

Nombre de crédits : [Master en biologie des organismes et écologie, à finalité approfondie, 1re année](#) 2
[Master en biologie des organismes et écologie, à finalité didactique, 1re année](#) 2
[Master en sciences biologiques](#) 2

Nom du professeur : Denis BAURAIN

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au premier quadrimestre, examen en janvier

Contenus du cours :
Ce cours vise à donner les bases de méthodologie phylogénétique nécessaires à la compréhension du cours de taxonomie et phylogénie [BIOL0807-4].

- Rappels de phylogénie (moléculaire)
- Alignement de séquences - alignement global (NW), alignement local (SW, BLAST), alignement multiple (ClustalW) et profils
- Parcimonie - arbres phylogénétiques, longueur d'un arbre (algorithme de Fitch) et heuristiques de recherche
- Méthodes de distance - matrices de distance, W(U)PGMA, NJ et modèles d'évolution des séquences
- Méthodes probabilistes - vraisemblance (principe, algorithmes, modèles, avantages et sélection de modèle), support statistique et congruence, inférence bayésienne (principe et algorithmes), horloges moléculaires assouplies
- Phylogénomique - principe, erreurs stochastiques et systématiques, super-arbres, super-matrices, modèle CAT, applications

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

- Savoir : Au terme de ce cours, les étudiants seront capables d'expliquer les principaux concepts, méthodes et algorithmes utilisés en phylogénie. Ils pourront faire une présentation intuitive des méthodes probabilistes et justifier leur usage préférentiel par rapport aux autres approches. Cela suppose avant tout d'avoir COMPRIS la matière. En ce sens, ce cours est sans doute différent d'autres matières du cursus en biologie, dont la simple restitution à l'examen peut parfois suffire.
- Savoir-faire : Pour certains algorithmes (précisés en classe), une APPLICATION sur papier d'un petit exemple fourni pourra être demandée.
- Savoir-faire : La démarche d'analyse d'un jeu de données à des fins phylogénétiques aura été abordée au cours de séances de travaux pratiques sur ordinateur. Les étudiants seront donc en mesure de la reproduire concrètement sur un jeu de données personnel.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :
Le cours ne suppose pas de prérequis en informatique, mais s'appuie sur une connaissance minimale des mathématiques et de la génétique moléculaire. En principe, le niveau nécessaire dans ces deux matières est celui atteint à la sortie de la 3^e année de baccalauréat en biologie.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

- Exposés théoriques, démonstrations et exercices dirigés : 7 x 3h.
- Travaux pratiques sur ordinateur (Seaview et R) : 3 x 3h.

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :
Il s'agit d'un cours en présentiel. L'assistance au cours est vivement encouragée car celui-ci est conçu de sorte à faciliter la compréhension et l'assimilation de la matière.





Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :
Les travaux pratiques feront usage du livre ci-dessous, mais il n'est pas demandé aux étudiants de l'acquiescer : Paradis E. (2012) Analysis of Phylogenetics and Evolution with R, 2nd edition, Springer, 386 pages <http://www.springer.com/978-1-4614-1742-2> <http://ape-package.ird.fr/APER.html>

Modalités d'évaluation et critères :
L'évaluation est en deux parties :

- 75% : examen écrit (session de janvier) comportant trois questions de savoir (théorie à expliquer) et une question de savoir-faire (algorithme à appliquer);
- 25% : examen de travaux pratiques (hors session) au cours duquel il faut analyser un jeu de données inédit.

Stage(s) :

Remarques organisationnelles :

 [Accueil](#)
 [Recherche par faculté](#)
 [Recherche par enseignant](#)
 [Recherche par cours](#)

-21-

Denis BAURAIN – Portfolio pédagogique (version 2, Mars 2014)


La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be

Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be

Administration de l'Enseignement et des Etudiants - Responsable de l'information : [Monique Mercourf](#), Direction générale à l'Enseignement et à la Formation - Réalisation [SEGI](#)


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

GENE0448-2 Méthodes de phylogénie

Durée : 20h Th, 30h TD

Nombre de crédits : [Master en bioinformatique et modélisation, à finalité approfondie, 1re année](#) **5**

Nom du professeur : Denis BAURAIN

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au premier quadrimestre, examen en janvier

Contenus du cours :
Ce cours vise à donner les bases théoriques et pratiques en méthodologie phylogénétique.

- Rappels de phylogénie (moléculaire)
- Alignement de séquences - alignement global (NW), alignement local (SW, BLAST), alignement multiple (ClustalW) et profils
- Parcimonie - arbres phylogénétiques, longueur d'un arbre (algorithme de Fitch) et heuristiques de recherche
- Méthodes de distance - matrices de distance, W(U)PGMA, NJ et modèles d'évolution des séquences
- Méthodes probabilistes - vraisemblance (principe, algorithmes, modèles, avantages et sélection de modèle), support statistique et congruence, inférence bayésienne (principe et algorithmes), horloges moléculaires assouplies
- Phylogénomique - principe, erreurs stochastiques et systématiques, super-arbres, super-matrices, modèle CAT, applications

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

- Savoir : Au terme de ce cours, les étudiants seront capables d'expliquer les principaux concepts, méthodes et algorithmes utilisés en phylogénie. Ils pourront faire une présentation intuitive des méthodes probabilistes et justifier leur usage préférentiel par rapport aux autres approches. Cela suppose avant tout d'avoir COMPRIS la matière. En ce sens, ce cours est sans doute différent d'autres matières du cursus en biologie, dont la simple restitution à l'examen peut parfois suffire.
- Savoir-faire : Pour certains algorithmes (précisés en classe), une APPLICATION sur papier d'un petit exemple fourni pourra être demandée.
- Savoir-faire : La démarche d'analyse d'un jeu de données à des fins phylogénétiques aura été abordée au cours de séances de travaux pratiques sur ordinateur. Les étudiants seront donc en mesure de la reproduire concrètement sur un jeu de données personnel;
- Savoir-faire : La déclinaison à 5 crédits de ce cours impose en outre à l'étudiant de réaliser un projet personnel plus conséquent. Cela lui permettra d'acquérir une maîtrise plus importante des concepts et aspects pratiques de l'analyse phylogénétique (au-delà des outils abordés lors des travaux pratiques).

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :
Le cours ne suppose pas de prérequis en informatique, mais s'appuie sur une connaissance minimale des mathématiques et de la génétique moléculaire. En principe, le niveau nécessaire dans ces deux matières est celui atteint à la sortie de la 3^è année de baccalauréat en biologie.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

- Exposés théoriques, démonstrations et exercices dirigés : 7 x 3h.
- Travaux pratiques sur ordinateur (Seaview et R) : 3 x 3h.
- Projet personnel avec rapport écrit (étude phylogénétique complète sur un sujet à déterminer).





Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :
Il s'agit d'un cours en présentiel. L'assistance au cours est vivement encouragée car celui-ci est conçu de sorte à faciliter la compréhension et l'assimilation de la matière. Le projet personnel sera organisé sous la forme d'un coaching individuel.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :
Les travaux pratiques feront usage du livre ci-dessous, mais il n'est pas demandé aux étudiants de l'acquérir : Paradis E. (2012) Analysis of Phylogenetics and Evolution with R, 2nd edition, Springer, 386 pages <http://www.springer.com/978-1-4614-1742-2> <http://ape-package.ird.fr/APER.html>

Modalités d'évaluation et critères :
L'évaluation est en deux parties :

- 40% : examen écrit (session de janvier) comportant trois questions de savoir (théorie à expliquer) et une question de savoir-faire (algorithme à appliquer);
- 15% : examen de travaux pratiques (hors session) au cours duquel il faut analyser un jeu de données inédit;
- 45% : rapport écrit sur le projet personnel.

Stage(s) :


-  [Accueil](#)
-  [Recherche par faculté](#)
-  [Recherche par enseignant](#)
-  [Recherche par cours](#)

Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

INFO0094-3 *Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique*

Durée : 20h Th, 30h TD

Nombre de crédits : [Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bioinformatique et modélisation, 2e année](#) **5**

Nom du professeur : [Denis BAURAIN](#), [Patrick MEYER](#)

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement durant l'année complète

Contenus du cours :

- prédiction de la structure secondaire de l'ARN
- alignement de séquences
- heuristiques d'alignement de séquences
- reconstruction phylogénétique
- recherche de motifs
- assemblage de fragments

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

Ce cours est le troisième de trois cours -- "Introduction à la programmation sous Linux" [INFO0097-2], "Introduction aux bases de données pour la biologie" [INFO0099-2], "Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique" [INFO0094-3] -- dispensés par le même enseignant dans le cadre de la finalité spécialisée en bioinformatique du M2-BBMC. Le cours "Introduction à l'analyse de données biologiques" [INFO0115-2] du Dr. Damien Sirjacobs participe aux mêmes buts. A l'issue de cette série de cours, les étudiants seront capables d'**utiliser l'ordinateur comme un instrument scientifique**. Plus spécifiquement, ils auront été formés aux objectifs suivants : 1. Design expérimental

1. Design expérimental
 - comment choisir les contrôles adéquats
 - comment raisonner dans un cadre statistique
2. Réalisation des expériences
 - comment lancer de grandes séries d'analyses
 - comment exploiter la puissance des grilles de calcul
3. Interprétation des résultats
 - comment automatiser l'analyse des fichiers de sortie
 - comment générer des graphes informatifs mais jolis
 - comment tirer des conclusions statistiquement fondées
4. Documentation et archivage
 - comment documenter les protocoles expérimentaux
 - comment réorganiser une série d'analyses a posteriori
 - comment gérer les multiples versions des jeux de données, des programmes utilisés et des résultats générés

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Ce cours fait partie d'une finalité spécialisée en bioinformatique. S'il ne suppose aucune connaissance particulière en informatique, il s'appuie néanmoins sur les cours de Génomique [GENE0003-1] et de Bioinformatique [BIOL0008-1] du M1-BBMC.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

- mini-exposés théoriques
- défis à résoudre
- travaux pratiques sur ordinateur
- autoformation (manuels et tutoriels en ligne)

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Ce cours est partiellement en présentiel, mais son approche par problèmes nécessitera du travail en dehors de la salle de classe.





Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Ce cours s'inspire d'un ouvrage de référence [RA Dwyer (2003) Genomic Perl, Cambridge University Press].

Modalités d'évaluation et critères :

L'évaluation de ce cours se basera à la fois sur le travail réalisé pendant l'année académique et sur le développement d'un projet personnel, en principe distinct du mémoire de Master.

Stage(s) :


 [Accueil](#)
 [Recherche par faculté](#)
 [Recherche par enseignant](#)
 [Recherche par cours](#)

Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

INFO0097-2 *Introduction à la programmation sous Linux*

Durée : 40h Th, 60h TD

Nombre de crédits : [Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bioinformatique et modélisation, 2e année](#) **10**

Nom du professeur : [Denis BAURAIN](#)

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement durant l'année complète

Contenus du cours :

1. Linux
 - environnement UNIX (Bio-Linux)
 - fichiers en mode texte et formats de fichiers
 - propriétés de la ligne de commande (jokers, variables, boucles, historique...)
 - interpréteur de commandes bash
2. Perl
 - Perl basique et Modern Perl
 - Perl orienté objet avec Moose
 - Perl pour la bioinformatique (BioPerl, Ensembl Perl API)
3. autres technologies libres
 - LaTeX (XeTeX) et associés
 - programmation web (HTML/CSS et PHP)

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

Ce cours est le premier de trois cours -- "Introduction à la programmation sous Linux" [INFO0097-2], "Introduction aux bases de données pour la biologie" [INFO0099-2], "Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique" [INFO0094-3] -- dispensés par le même enseignant dans le cadre de la finalité spécialisée en bioinformatique du M2-BBMC. Le cours "Introduction à l'analyse de données biologiques" [INFO0115-2] du Dr. Damien Sirjacobs participe aux mêmes buts. A l'issue de cette série de cours, les étudiants seront capables d'**utiliser l'ordinateur comme un instrument scientifique**. Plus spécifiquement, ils auront été formés aux objectifs suivants : 1. Design expérimental

- comment choisir les contrôles adéquats
- comment raisonner dans un cadre statistique

2. Réalisation des expériences
 - comment lancer de grandes séries d'analyses
 - comment exploiter la puissance des grilles de calcul
3. Interprétation des résultats
 - comment automatiser l'analyse des fichiers de sortie
 - comment générer des graphes informatifs mais jolis
 - comment tirer des conclusions statistiquement fondées
4. Documentation et archivage
 - comment documenter les protocoles expérimentaux
 - comment réorganiser une série d'analyses a posteriori
 - comment gérer les multiples versions des jeux de données, des programmes utilisés et des résultats générés

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :





Ce cours fait partie d'une finalité spécialisée en bioinformatique. S'il ne suppose aucune connaissance particulière en informatique, il s'appuie néanmoins sur les cours de Génomique [GENE0003-1] et de Bioinformatique [BIOL0008-1] du M1-BBMC.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

- mini-exposés théoriques
- défis à résoudre
- travaux pratiques sur ordinateur
- autoformation (manuels et tutoriels en ligne)

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Ce cours est partiellement en présentiel, mais son approche par problèmes nécessitera du travail en dehors de la salle de classe.

-  [Accueil](#)
-  [Recherche par faculté](#)
-  [Recherche par enseignant](#)
-  [Recherche par cours](#)

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Modalités d'évaluation et critères :

L'évaluation de ce cours se basera à la fois sur le travail réalisé pendant l'année académique et sur le développement d'un projet personnel, en principe distinct du mémoire de Master.


Stage(s) :

Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBOUX | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

INFO0099-2 *Introduction aux bases de données pour la biologie*

Durée : 20h Th, 30h TD

Nombre de crédits : [Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bioinformatique et modélisation, 2e année](#) **5**

Nom du professeur : [Denis BAURAIN](#)

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement durant l'année complète

Contenus du cours :

- raisonnement ensembliste
- le Modèle Entité-Association
- le Modèle Relationnel
- normalisation
- SQL (MySQL)
- fouille de données et traitement analytique en ligne (OLAP)
- bases de données biologiques

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

Ce cours est le deuxième de trois cours -- "Introduction à la programmation sous Linux" [INFO0097-2], "Introduction aux bases de données pour la biologie" [INFO0099-3], "Introduction aux algorithmes pour la bioinformatique" [INFO0094-3] -- dispensés par le même enseignant dans le cadre de la finalité spécialisée en bioinformatique du M2-BBMC. Le cours "Introduction à l'analyse de données biologiques" [INFO0115-2] du Dr. Damien Sirjacobs participe aux mêmes buts. A l'issue de cette série de cours, les étudiants seront capables d'**utiliser l'ordinateur comme un instrument scientifique**. Plus spécifiquement, ils auront été formés aux objectifs suivants : 1. Design expérimental

1. comment choisir les contrôles adéquats
 - comment raisonner dans un cadre statistique
2. Réalisation des expériences
 - comment lancer de grandes séries d'analyses
 - comment exploiter la puissance des grilles de calcul
3. Interprétation des résultats
 - comment automatiser l'analyse des fichiers de sortie
 - comment générer des graphes informatifs mais jolis
 - comment tirer des conclusions statistiquement fondées
4. Documentation et archivage
 - comment documenter les protocoles expérimentaux
 - comment réorganiser une série d'analyses a posteriori
 - comment gérer les multiples versions des jeux de données, des programmes utilisés et des résultats générés

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Ce cours fait partie d'une finalité spécialisée en bioinformatique. S'il ne suppose aucune connaissance particulière en informatique, il s'appuie néanmoins sur les cours de Génomique [GENE0003-1] et de Bioinformatique [BIOL0008-1] du M1-BBMC.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

- mini-exposés théoriques
- défis à résoudre
- travaux pratiques sur ordinateur
- autoformation (manuels et tutoriels en ligne)

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :





Ce cours est partiellement en présentiel, mais son approche par problèmes nécessitera du travail en dehors de la salle de classe.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Modalités d'évaluation et critères :

L'évaluation de ce cours se basera à la fois sur le travail réalisé pendant l'année académique et sur le développement d'un projet personnel, en principe distinct du mémoire de Master.

Stage(s) :


-  [Accueil](#)
-  [Recherche par faculté](#)
-  [Recherche par enseignant](#)
-  [Recherche par cours](#)

Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBLoux | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

MICR0005-1 Compléments de microbiologie : protistologie

Durée : 15h Th

Nombre de crédits :

Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité approfondie, 1re année	2
Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité didactique, 1re année	2
Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bio-industrie, 1re année	2
Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en biochimie industrielle, 1re année	2
Master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire, à finalité spécialisée en bioinformatique et modélisation, 1re année	2

Nom du professeur : Denis BAURAIN

Langue(s) du cours :
Langue française

Organisation et évaluation :
Enseignement au deuxième quadrimestre

Contenus du cours :

1. Description du cours
En raison de leur taille microscopique, les microbes eucaryotes n'ont été découverts que relativement récemment -- au minimum à la fin du XVIIe siècle, qui a vu la diffusion du microscope. Avant cela, l'idée-même d'organismes unicellulaires était tout simplement inconnue.
Depuis leur découverte, les diverses classifications du Vivant ont essayé d'intégrer les eucaryotes unicellulaires, toujours comme un groupe monolithique généralement dénommé "protistes". Avec la découverte de la phylogénie moléculaire, les relations évolutives entre eucaryotes (microscopiques ou non) ont été largement remises en cause pour finalement conclure que les protistes sont un groupe artificiel, d'où ont émergé indépendamment plusieurs lignées d'organismes multicellulaires (ex. animaux, plantes, algues rouges et algues brunes).
Ce cours de spécialisation s'appuyant sur les connaissances acquises au cours de Microbiologie de BAC3 (partim Algologie et Mycologie) [MICR0711-A] poursuit trois buts : (1) compléter le panorama des groupes eucaryotes (ex. excavates, rhizaria), (2) approfondir la présentation des mécanismes et tendances à l'oeuvre dans l'évolution des eucaryotes (ex. endosymbiose, transfert de gènes, simplification secondaire) et (3) brosser un historique des conceptions entourant la classification du Vivant et en particulier des eucaryotes unicellulaires. 2. Table des matières

- 1. [O3] Histoire de la classification du Vivant
- 2. [O1] Diversité des organismes parasites des animaux et des plantes de culture
- 3. [O1] Plasmodium et la malaria (Apicomplexa, Alveolata)
- 4. [O1] Trypanosoma et Leishmania (Euglenozoa, Discoba, Excavata)
- 5. [O1] Giardia, Trichomonas, Dientamoeba et Naegleria (Metamonada et autres Discoba)
- 6. [O1] Entamoeba et autres amibes (Amoebozoa)
- 7. [O1] Cercozoa, foraminifères et radiolaires (Rhizaria)
- 8. [O2/3] Mécanismes évolutifs à l'origine des eucaryotes et de la mitochondrie
- 9. [O2] Mécanismes évolutifs à l'origine du plaste et de sa propagation
- 10. [O2/3] Retour sur la théorie de l'évolution : la pensée de Stephen Jay Gould

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

Au terme de ce cours de Protistologie, les étudiants seront capables de...

- 1. [O1] Se rappeler des différents groupes de parasites eucaryotes et des maladies qu'ils causent.
- 2. [O1] Reconnaître un taxon eucaryote sur base d'une description textuelle de ses caractéristiques discriminantes.
- 3. [O1] Exemplifier un taxon eucaryote sur base de son nom.
- 4. [O1] Classifier les archétypes d'organismes.
- 5. [O3] Comparer les conceptions présentes et passées en matière de classification du Vivant.
- 6. [O3] Attribuer un extrait de discours « classificatoire » à un auteur ou à une école de pensée.
- 7. [O3] Interpréter un arbre phylogénétique.
- 8. [O3] Comparer deux ou plusieurs arbres phylogénétiques.
- 9. [O1/3] Inférer les caractéristiques probables d'un organisme ou taxon inconnu sur base d'un arbre phylogénétique avec des organismes ou taxa connus.
- 10. [O2] Expliquer les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes.
- 11. [O1/2] Exemplifier les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes.
- 12. [O2/3] Expliquer la pensée de Stephen Jay Gould.
- 13. [O2/3] Exemplifier la pensée de Stephen Jay Gould.
- 14. [O1/2/3] Comparer des scénarios évolutifs.
- 15. [O1/2/3] Attribuer un scénario évolutif particulier à une école de pensée.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Avoir suivi le cours de Microbiologie de BAC3 [MICR0711-1] (cours obligatoire du cursus de biologie) ou, à défaut, un autre cours de microbiologie (ou de botanique générale) couvrant également les algues et les champignons, si possible dans une perspective phylogénétique.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

-31-

A l'exception des séances 8 et 9, qui seront des cours traditionnels, les séances ne comporteront que peu d'exposés ex cathedra et, le cas échéant, ceux-ci seront de courte durée. Les méthodes d'enseignement seront le plus souvent « constructivistes », de sorte que les étudiants s'approprient activement la matière et apprennent à faire des liens entre les différentes thématiques du cours. Les séances de cours 3 à 6 et 10 se dérouleront comme suit :

- 1. Bref exposé introductif par l'enseignant sur le thème ou les organismes du jour.
- 2. Exploitation de ressources documentaires anglophones imprimées depuis des sites généraux [Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Organisation Mondiale de la Santé (OMS), Tree of Life Web Project (ToL) etc.]. Concrètement, il s'agira de construire des cartes d'identité pour une série de parasites, de répondre par écrit à des questions spécifiques ou de résumer de courts textes portant sur différents aspects (ex. historique, pathologie, évolution). Le travail se fera par petits groupes de 3 ou 4 étudiants. Durant ces activités, l'enseignant sera pleinement disponible et aidera à aplanir les difficultés qui se présenteraient.
- 3. Mise-en-commun en groupe complet. Dans certains cas, les étudiants pourront être amenés à faire des micro-présentations orales de leurs découvertes en s'appuyant sur les travaux de groupe et de petits diaporamas préparés par l'enseignant.
- 4. Mise-au-net des travaux de groupe (à domicile, à la bibliothèque etc.). Il ne s'agira pas de « devoirs » à rendre systématiquement. Toutefois, après chaque séance, les étudiants devront s'arranger pour faire parvenir à l'enseignant une version complète de chaque travail de groupe. Certains de ceux-ci seront évalués et interviendront dans la cote finale (voir plus loin).

Les autres séances de cours recourent aux méthodes d'enseignement suivantes :

- Remise en ordre de paragraphes tirés d'articles scientifiques de revue brossant l'histoire de la classification du Vivant en général et de la protistologie en particulier (cours 1).
- Analyses taxonomiques et catégorisation des principaux organismes parasites assistées par ordinateur (travail interactif sur des sites web) (cours 2).
- Complétion d'arbres phylogénétiques masqués sur base de descriptions textuelles tirées d'articles scientifiques (cf. cours de BAC3) (cours 7).
- Inférence des caractéristiques de différentes lignées représentées dans des arbres phylogénétiques annotés (cours 7).
- Comparaison raisonnée d'arbres phylogénétiques partiellement incompatibles (cours 7).

Afin de favoriser l'établissement de liens entre les différentes thématiques du cours et de faciliter leur assimilation, les étudiants auront à créer (1) une ligne du temps (au terme du cours 1), (2) un tableau infographique (type Information is beautiful) (cours 2), (3) un arbre phylogénétique annoté (cours 7) et (4) une carte heuristique (cours 8 et 9) synthétisant la matière vue en classe. Ces quatre devoirs seront individuels et cotés (voir plus loin) et prépareront les étudiants à l'examen final. Il leur sera demandé de donner libre cours à leur créativité.

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Séances de cours présentielles de 90 min.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Les articles distribués en classe et les diaporamas seront mis à disposition des étudiants via le portail web myULg.

Modalités d'évaluation et critères :

Les quatre travaux personnels (ligne du temps, tableau infographique, arbre phylogénétique annoté et carte heuristique) compteront pour 60% de la cote finale (4 x 15%), tandis que le reste (40%) sera composé à 30% par l'examen oral et à 10% par un travail de groupe au choix (cours 3 à 6 et 10).

Stage(s) :

Remarques organisationnelles :

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Contacts :

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be


UNIVERSITÉ DE LIÈGE
LIÈGE | GEMBLoux | ARLON
Site de l'Université | English version

Programme des cours 2013-2014
Dernière mise à jour : 10/03/2014

<p>MICR0711-1 <i>Microbiologie</i> - Partim 1 : Algologie et mycologie - Partim 2 : Bactériologie - Partim 3 : Virologie</p> <hr/> <p>Durée : Partim 1 : Algologie et mycologie : 20h Th, 10h Pr Partim 2 : Bactériologie : 20h Th, 10h Pr Partim 3 : Virologie : 20h Th, 10h Pr</p> <p>Nombre de crédits : Bachelier en sciences biologiques, 3e année 7 Année préparatoire au master en sciences biologiques 7 Année préparatoire au master en biochimie et biologie moléculaire et cellulaire 7 Année préparatoire au master en biologie des organismes et écologie 7 Master complémentaire en biotechnologie et biologie appliquée 6</p> <p>Nom du professeur : Partim 1 : Algologie et mycologie : Denis BAURAIN Partim 2 : Bactériologie : Bernard JORIS Partim 3 : Virologie : Jacques PIETTE</p> <p>Coordinateur(s) : Jacques PIETTE</p> <p>Langue(s) du cours : Langue française</p> <p>Organisation et évaluation : Enseignement durant l'année complète</p> <p>Contenus du cours : Partim 1 : Algologie et mycologie</p> <hr/> <p>Un cours introductif (1h30) présente l'organisation à grande échelle du Vivant et fait prendre conscience de la diversité insoupçonnée des "protistes" (microbes eucaryotiques), en ce compris les "algues" et les "champignons". Les messages importants de cette première leçon sont l'utilité d'une classification naturelle et l'inadéquation des dénominations traditionnelles.</p> <p>Les 10 cours suivants brossent un panorama des différents groupes d'algues (dont les cyanobactéries) et de champignons (au-delà des Fungi sensu stricto) en les replaçant dans leur contexte évolutif tel que déduit de la phylogénie moléculaire. Pour chaque groupe, une série d'espèces représentatives sont discutées plus en détail.</p> <p>Le programme approximatif de ces 10 cours est détaillé ci-dessous.</p> <p>2. Présentation des caractères biochimiques et ultrastructuraux dont la variation au sein des grands groupes d'algues fait que, sous une morphologie souvent simple, ces organismes montrent une bien plus grande diversité d'organisation cellulaire que les animaux ou les végétaux terrestres.</p> <p>3. Présentation des algues bleues, que leur nature procaryotique met dans une position phylogénétique particulière (cyanobactéries), mais dont le rôle écologique est similaire à celui des autres algues. Principaux thèmes : rôle dans les écosystèmes actuels, fixation de l'azote, toxines et évolution morphologique.</p> <p>4-7. Présentation des algues eucaryotiques, surtout les algues rouges, vertes et brunes, ainsi que les principales algues planctoniques (par ex. dinoflagellés, diatomées). Principaux thèmes : évolution des eucaryotes (origine, perte ou gain de chloroplaste, origine des plantes terrestres), rôle écologique et économique (mucilages) des algues benthiques, production primaire, rôle trophique et blooms toxiques chez les groupes planctoniques, symbioses des dinoflagellés.</p> <p>8-9. Introduction au mode de vie des champignons et à leur principal groupe, les ascomycètes. Parmi ceux-ci, un accent particulier est mis sur les levures comme outil technologique et scientifique (petits génomes complètement séquencés, transformations, fermentations). Autres thèmes : les parasites et les symbiotes (lichens), les mycotoxines et les antibiotiques.</p> <p>10. Présentation des basidiomycètes en insistant sur leur rôle en tant que symbiotes mycorhiziens ou que destructeurs du bois (rôle écologique, nuisance pour le bois d'oeuvre, potentialité biotechnologique de la capacité à métaboliser la lignine).</p> <p>11. Présentation des autres groupes de champignons en insistant sur les Mucorales (moisissures) et les Glomales (endomycorhizes), les mildioux (rôles économique et historique) et Dictyostelium (outil de la biologie moléculaire).</p> <p>Les travaux pratiques sont basés sur la récolte dans les environs de l'Institut de Botanique de champignons qui sont ensuite observés au laboratoire. Des essais de mise en culture sont effectués. Il en va de même pour les algues qui sont récoltées dans l'étang de l'Institut et également observées en culture.</p> <hr/> <p>Partim 2 : Bactériologie</p> <hr/> <p>Chapitre I : La cellule bactérienne : architecture et composition Chapitre II : Biosynthèse et assemblage des enveloppes bactériennes Chapitre III : La croissance bactérienne Chapitre IV : Nutrition Chapitre V : Métabolisme Chapitre VI : Le contrôle de la croissance bactérienne Chapitre VII : Les antibiotiques</p> <hr/> <p>Partim 3 : Virologie</p> <hr/> <p>Chapitre I : Les bases de la virologie Chapitre II : Les différents cycles infectieux Chapitre III : Les différentes étapes du cycle infectieux productif Chapitre IV : Les origines possibles de la latence et de la persistance en relation avec certaines pathologies Chapitre V : Comment peut-on classer les virus : la classification selon Baltimore Chapitre VI : Les virus de la classe V : les orthomyxoviridae; les paramyxoviridae; les rhabdoviridae. Chapitre VII : Les virus de la classe IV : les picornaviridae; les togaviridae; les flaviviridae; les coronavirusidae. Chapitre VIII : Les virus de la classe III : les réoviridae. Chapitre IX : Les virus de la classe I : les virus de l'Herpès; les papovaviridae; les adénoviridae; les poxviridae. Chapitre X : Les virus de la classe II : les parvoviridae; les bactériophages FX174 et M13 Chapitre XI : Les virus de la classe VI : Les Rétroviridae; les lentivirus et les HIV Chapitre XII : Les virus de la classe VI : les hepdnaviridae; le virus de l'hépatite B Chapitre XIII : Les virus échappent aux systèmes immunitaires par différentes stratégies.</p>	<div style="text-align: center;">  Accueil  Recherche par faculté  Recherche par enseignant  Recherche par cours </div>
--	--

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Les objectifs du *partim* sont au nombre de quatre :

- Se familiariser avec les principaux groupes d'organismes traditionnellement qualifiés d'algues et de champignons.
- Comprendre leur position dans la diversité du Vivant et maîtriser les bases de leur classification.
- Faire connaissance avec une série d'organismes représentatifs de ces groupes et présentant un intérêt évolutif, écologique, médical, expérimental ou industriel.
- S'essayer à l'observation et à l'identification de quelques espèces vivantes aux alentours du Sart Tilman.

Partim 2 : Bactériologie

Obtenir une vue générale de la cellule bactérienne, de ses structures et de sa physiologie. Comprendre et maîtriser le contrôle de la croissance bactérienne par des agents physiques et chimiques

Partim 3 : Virologie

Obtenir une vue générale de la diversité du monde des virus et de la complexité des interactions entre les virus et leurs hôtes. Aider à la compréhension de la réponse immunitaire mise en œuvre afin de lutter contre les infections virales.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Un minimum de connaissances de biologie générale et de biochimie.

Partim 2 : Bactériologie

Un minimum de connaissances de biologie et de biochimie

Partim 3 : Virologie

Aucun.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Les travaux pratiques comprennent 4 demi-journées (algues 2, champignons 2) dans les laboratoires du niveau -1 de l'Institut de Botanique B22 au Sart Tilman. Le matériel frais est récolté aux alentours du bâtiment, situé près de la forêt, en début de séance. Certaines manipulations des travaux pratiques seront communes avec le cours de bactériologie.

Partim 2 : Bactériologie

Les travaux pratiques sont obligatoires et comprennent trois demi-journées de travail individuel avec un rapport final qui sera évalué

Partim 3 : Virologie

Travaux pratiques intégrés avec la matière d'immunologie

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance) :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Il est important d'assister au cours car celui-ci est interactif, ce qui aide à s'approprier la matière. De plus, il s'appuie sur la présentation d'un grand nombre d'illustrations originales. Pour les travaux pratiques, se munir de papier A4, crayon et gomme et d'une loupe 10 à 15x.

Partim 2 : Bactériologie

Présentiel

Partim 3 : Virologie

Séances de 1h30.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Les présentations PowerPoint seront mises à disposition des étudiants à l'issue de chaque cours théorique. Un résumé "à trous" sera en outre distribué au début de chaque séance.

Partim 2 : Bactériologie

Des notes de cours seront données au début de l'année. Les diaporamas présentés seront mis à la disposition des étudiants.

Livres de référence :

Prescott L.M., Harley J.P. and Klein D.A. Microbiologie . De Boeck-Wesmael S.A. Bruxelles

Madigan M.F., Martinko J.M., Parker J. Brock Biology of Microorganisms. Prentice Hall International Inc., Londres

Partim 3 : Virologie

Pas de notes de cours mais mise à la disposition des étudiants des diapositives montrées durant les leçons.

Ouvrages de référence :

-Virology (Ed. B. Fields et al, Lippincott-Ravel, New-York, USA.).

-Understanding viruses par Teri Shors (Ed Jones and Bartlett, USA).

-Virology: Molecular Biology & Pathogenesis par Leonard Norkin (Ed ASM Press, USA)

Modalités d'évaluation et critères :

Partim 1 : Algologie et mycologie

La cote finale se compose pour un quart des cotes des travaux pratiques de l'année et pour trois-quarts de la cote de l'examen écrit (QCM). Comme pour les deux autres partims, une note de 8/20 est indispensable pour que l'ensemble du cours puisse être réussi.

Partim 2 : Bactériologie

Examen écrit en janvier et oral en septembre

Partim 3 : Virologie

Examen oral. Deux questions portant sur la matière du cours théorique.

Stage(s) :

Remarques organisationnelles :

Partim 1 : Algologie et mycologie

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas "surfer" ni "chatter" au cours.

Partim 2 : Bactériologie

Il est important de noter que comme pour les deux autres partims, une note de 8/20 est indispensable pour que l'ensemble du cours puisse être réussi.

Partim 3 : Virologie

Il est important de noter que comme pour les deux autres partims, une note de 8/20 est indispensable pour que l'ensemble du cours puisse être réussi

Contacts :

Partim 1 : Algologie et mycologie

Prof. Denis Baurain Institut de Botanique B22 (P70) denis.baurain@ulg.ac.be
Assistant: Dr. Damien Sirjacobs Institut de Botanique B22 (P70) 04/366.38.54 D.Sirjacobs@ulg.ac.be

Partim 2 : Bactériologie

Bernard Joris, Chargé de cours Institut de Chimie B6a Bureau 1.50b E-mail : bjoris@ulg.ac.be

Partim 3 : Virologie

Jacques Piette, Directeur de Recherches FNRS et Professeur Adjoint.
Laboratoire de Virologie & Immunologie, Institut de Pathologie, Bât. B23, 4000 Liège 1 (Sart Tilman)
Tél : 04/366.24.42, Fax : 04/366.24.33, E-mail : jpiette@ulg.ac.be

Notes en ligne :

Partim 3 : Virologie



support en ligne
ppt

6. Analyse de pratiques

6.1. Analyse d'une séquence de cours ou d'une évaluation

Cette section reprend les documents de travail produits lors du séminaire de mise en œuvre IFRES visant à concevoir le scénario pédagogique et à rédiger l'engagement pédagogique de mon cours de « *Compléments de microbiologie : Protistologie* » (MICR0005-1).

Concrètement, le travail à réaliser comprenait trois tâches :

1. définir les objectifs de mon cours selon la taxonomie de Bloom révisée (2 documents),
2. sélectionner et planifier les méthodes et activités d'apprentissage (1 document),
3. rédiger l'engagement pédagogique (1 document).

Des quatre documents qui suivent, les trois premiers sont assez avancés, tandis que le quatrième reflétait l'état de l'engagement pédagogique du cours à l'issue du séminaire personnalisé. La version la plus récente a été présentée à la **SECTION 5**.

Outil 1 :

Un outil opérationnel de définition des objectifs cognitifs : la Taxonomie de Bloom révisée

Une déclaration d'objectif spécifique se construit généralement à l'aide d'un verbe et d'un complément, précédés de la formule « Au terme du cours, l'étudiant sera capable de ... ». Dans la version révisée de la taxonomie de Bloom réalisée sous la direction de Krathwohl et Anderson (2001), le verbe décrit le processus cognitif visé et le nom désigne le type de connaissance que les étudiants vont devoir acquérir ou construire. Dans les pages suivantes, ces deux dimensions de connaissances et processus cognitifs sont détaillées et exemplifiées dans deux tableaux.

Ces mêmes dimensions sont par ailleurs déclinées et articulées dans un tableau à deux entrées, outil facilitant de manière synoptique le travail de définition des objectifs spécifiques, permettant pour un savoir donné au sein d'un cours (ex : les noms des principaux peintres surréalistes, la loi de l'offre et de la demande, la technique dite de l'entretien semi dirigé...) de le classifier et de déterminer un niveau d'attente à son égard en termes de processus cognitifs (être simplement capable de s'en souvenir, ou encore l'appliquer, le comprendre...).

	A. Savoirs factuels		B. Savoirs conceptuels			C. Savoirs procéduraux			D. Savoirs métacognitifs		
	A.1. Terminologie	A.2. Détails et éléments spécifiques	B.1. Classifications et catégories	B.2. Principes et généralisations	B.3. Théories, modèles et structures	C.1. Savoir-faire spécifiques, algorithmes	C.2. Techniques spécifiques et méthodes	C.3. Critères d'utilisation de procédure appropriée	D.1. Connaissances stratégiques	D.2. sur tâches cognitives, contexte et conditions	D.3. Auto connaissance
1. Se souvient	1, 2	1, 2									
1.1 Reconnaître											
1.2 Se rappeler											
2. Comprend	3, 4, 9, 11	3, 4, 9, 11	5, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	5, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	5, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15	7, 8, 9, 16	7, 8, 9, 16	7, 8, 9, 16			
2.1 Interpréter											
2.2 Exemplifier											
2.3 Classifier											
2.4 Résumer											
2.5 Inférer											
2.6 Comparer											
2.7 Expliquer											
3. Applique											
3.1 Exécute											
3.2 Implémente											
4. Analyse	6	6	6	6	6						
4.1 Différencier											
4.2 Organiser											
4.3 Attribuer											
5. Evalue											
5.1 Vérifier											
5.2 Critiquer											
6. Créé	17	17	17	17	17	17	17	17			
6.1 Générer											
6.2 Planifier											
6.3 Produire											

Séminaire de mise en œuvre « Concevoir le scénario pédagogique de son cours »

Enoncé Tâche 1 (pour le 23 janvier)

En vous aidant de l'**Outil 1** (*Un outil opérationnel de définition des objectifs cognitifs : la Taxonomie de Bloom révisée*), établissez la liste des objectifs - ou *acquis* - d'apprentissage de votre cours.

Reportez-les ensuite dans la colonne « Objectifs d'apprentissage » du tableau ci-dessous (en vous sentant libre d'ajouter ou de retirer des lignes), en leur affectant à chacun : un numéro (1^{ère} colonne) et une cote d'importance (« CI ») de 1 à 4¹ selon leur caractère de priorité à vos yeux (3^{ème} colonne). Enfin, donnez brièvement le pourquoi de la cote d'importance attribuée à chaque objectif listé (notamment en considération de leur statut / leur relation par rapport aux autres objectifs du cours ou leur agencement chronologique) dans la colonne « Justification ».

N°	Objectifs d'apprentissage <i>Au terme du cours, l'étudiant devra être capable de...</i>	CI	→ Justification
1	Se rappeler (= citer) des différents groupes de parasites eucaryotes et des maladies qu'ils causent (organisme, taxon, nom de la pathologie + généralités).	3	<i>panorama des eucaryotes</i> ; 5 ou 6 séances sur 10 présenteront des organismes principalement parasites ; cet objectif inclut l'essentiel des savoirs factuels attendus d'un cours de protistologie / parasitologie, mais ne me passionne pas outre mesure
2	Reconnaître (= nommer) un taxon eucaryote sur base d'une description textuelle de ses caractéristiques discriminantes.	3	<i>panorama des eucaryotes</i> ; b.a.-ba de la discipline, mais un peu « scolaire »
3	Exemplifier (= citer des organismes pertinents + justifier) un taxon eucaryote sur base de son nom.	2	<i>panorama des eucaryotes</i> ; b.a.-ba de la discipline ; très important dans la direction [taxon => organisme]
4	Classifier (= donner le taxon) les archétypes d'organismes (ceux qui typifient les taxa et/ou qui présentent un intérêt évolutif, écologique, médical, expérimental ou industriel).	1	<i>panorama des eucaryotes</i> ; b.a.-ba de la discipline ; incontournable dans la direction [organisme => taxon]
5	Comparer (= discuter des différences en termes de « philosophie ») les conceptions présentes et passées en matière de classification du Vivant.	3	<i>histoire de la classification</i> ; cet objectif correspond au message (épistémologique) que nos conceptions vis-à-vis du Vivant ont évolué au cours des siècles

1

1 = objectif de la plus haute importance	2 = objectif très important	3 = objectif important	4 = objectif moins important
--	-----------------------------	------------------------	------------------------------

6	Attribuer (= donner l'auteur + justifier) un extrait de discours « classificatoire » à un auteur ou à une école de pensée (dans le contexte général de la classification du monde vivant, de la dichotomie procaryote/eucaryote, de la paraphylie des « protistes »).	4	<i>histoire de la classification</i> ; objectif épistémologique ; cerise sur le gâteau complémentaire (mais plutôt accessoire) à l'objectif précédent
7	Interpréter (= discuter en termes techniques : mono-, para- et polyphylie, état ancestral, diversification, complexification, simplification, accélération, artéfacts de reconstruction, support statistique etc.) un arbre phylogénétique.	2	<i>histoire de la classification</i> ; cet objectif inclut l'essentiel des savoirs conceptuels et procéduraux liés à cette thématique du cours
8	Comparer (= discuter des différences en termes interprétatifs) deux ou plusieurs arbres phylogénétiques.	2	<i>histoire de la classification</i> ; l'arbre comme mode de représentation est essentiel ; les étudiants de cette section « moléculaire » y auront été peu exposés et c'est l'occasion pour eux d'en approfondir la maîtrise
9	Inférer (= déduire d'après les propriétés des proches taxa) les caractéristiques probables d'un organisme ou taxon inconnu sur base d'un arbre phylogénétique avec des organismes ou taxa connus.	2	<i>panorama des eucaryotes</i> + <i>histoire de la classification</i> ; objectif de niveau intermédiaire requérant de combiner deux thématiques du cours (maîtrise des arbres + connaissance des taxa et de leurs caractères discriminants)
10	Expliquer (= définir les concepts en ses propres mots ?) les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes (transfert de gènes, endosymbiose, simplification secondaire).	1	<i>mécanismes évolutifs</i> ; c'est le cœur et l'originalité de ce cours : donner les clés permettant de comprendre les trajectoires évolutives des organismes contemporains en insistant sur l'absence de progrès et le rôle de la contingence
11	Exemplifier (= citer des taxa pertinents + justifier) les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes (transfert de gènes, endosymbiose, simplification secondaire).	1	<i>panorama des eucaryotes</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> ; indissociable de l'objectif précédent et re-mobilisant des savoirs factuels
12	Expliquer (= définir les concepts en ses propres mots ?) la pensée de Stephen Jay Gould (ex. absence de progrès, contingence, nature non-signifiante).	3	<i>histoire de la classification</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> ; prise de hauteur nécessaire pour casser les représentations quant à la théorie de l'évolution et aider à conceptualiser les savoirs du cours

13	Exemplifier (= citer des organismes) la pensée de Stephen Jay Gould (ex. absence de progrès, contingence, nature non-signifiante).	3	<i>histoire de la classification</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> ; indissociable de l'objectif précédent
14	Comparer (= discuter des similitudes et différences) des scénarios évolutifs (dans le contexte de l'origine des eucaryotes et de leur place dans le Vivant).	4	<i>panorama des eucaryotes</i> + <i>histoire de la classification</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> ; objectif de niveau supérieur auquel je tiens, mais qui ne concerne objectivement que des modèles spéculatifs et spécialisés
15	Attribuer (= donner la classe + justifier) un scénario évolutif particulier à une école de pensée (dans le contexte de l'origine des eucaryotes et de leur place dans le Vivant).	4	<i>panorama des eucaryotes</i> + <i>histoire de la classification</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> ; même commentaire que pour l'objectif précédent
16	Résumer (= lire, comprendre et rédiger) rapidement un texte de vulgarisation scientifique (librement ou en réponse à des questions).	2	<i>rédaction scientifique</i> ; cet objectif sera activement travaillé en classe, principalement lors des séances consacrées aux organismes parasites
17	Produire une dissertation (= écrire un texte structuré, expliquant les concepts et les illustrant par des exemples pertinents d'organismes) sur un des thèmes du cours.	1	<i>panorama des eucaryotes</i> + <i>histoire de la classification</i> + <i>mécanismes évolutifs</i> + <i>rédaction scientifique</i> ; objectif final du cours ; son évaluation servira de « proxy » pour tous les autres

objectifs	durée	événements pédagogiques	prof.	étud.	ressources à créer	extrants
		<ul style="list-style-type: none"> ▼ Cours 1 : histoire de la classification du Vivant ● accroche par l'enseignant (introduction, lien avec le 3e BAC) ▼ « jeu de mots » (individuellement puis par dyades) ● remise en ordre des paragraphes d'articles à coloration historique ● résumé de chaque paragraphe en une phrase ● mini-présentations étudiantes + re-formulation par l'enseignant ● <u>devoir</u> : création d'une ligne du temps reflétant l'émergence de la protistologie ▼ Cours 2 : diversité des organismes parasites ● accroche par l'enseignant (parasites très divers et classification peu pertinente) ▼ analyse de ressources en ligne (directement par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● relevé des maladies parasitaires (homme, poissons, mollusques, plantes) ● affiliation taxonomique et distribution des organismes impliqués ● mise-en-commun sommaire (catégorisation et décompte) + re-structuration par l'enseignant ● <u>devoir</u> : synthèse sous forme libre (tableau, graphe, arbre, carte conceptuelle...) ▼ Cours 3 : Plasmodium et la malaria [Apicomplexa, Alveolates] ● accroche par l'enseignant (problématique sanitaire hors du commun) ▼ exploitation de textes (directement par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● rédaction d'un résumé par thème du jour (historique, tableau clinique, biologie...) ● mini-présentations étudiantes + re-formulation par l'enseignant ● <u>devoir</u> : remise en forme du résumé ▼ Cours 4 : Trypanosoma et Leishmania [Euglenozoa, Discoba, Excavates] ● exposé introductif ex-cathedra ▼ exploitation de textes (directement par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● construction de cartes d'identité (une par organisme) ● questionnement réfléchi (guidant la lecture et la compréhension des textes) ● mise-en-commun + re-formulation par l'enseignant ● <u>devoir</u> : remise en forme des cartes d'identité et des réponses aux questions ▼ Cours 5 : Giardia, Trichomonas, Dientamoeba et Naegleria [Metamonada et autres Discoba] ● exposé introductif ex-cathedra (incluant Reclinomonas ?) ▼ exploitation de textes (directement par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● construction de cartes d'identité (une par organisme) ● questionnement réfléchi (guidant la lecture et la compréhension des textes) ● mise-en-commun + re-formulation par l'enseignant ● <u>devoir</u> : remise en forme des cartes d'identité et des réponses aux questions ▼ Cours 6 : Entamoeba et autres amibes [Amoebozoa] ● exposé introductif ex-cathedra ▼ exploitation de textes (directement par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● construction de cartes d'identité (une par organisme) ● questionnement réfléchi (guidant la lecture et la compréhension des textes) ● mise-en-commun + re-formulation par l'enseignant ● <u>devoir</u> : remise en forme des cartes d'identité et des réponses aux questions ▼ Cours 7 : Cercozoa, foraminifères et radiolaires [Rhizaria] ● exposé introductif ex-cathedra ▼ analyse d'arbres phylogénétiques (individuellement, par dyades puis par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> ● complétion des arbres masqués sur base de leur description textuelle 	X	X	diaporama (5 slides) 1 article découpé / dyade	
5, 6	10 min 60 min		X	X		
5, 6	20 min 90 min		X	X	diaporama de soutien (5 slides)	lignes du temps
1, 3, 4, 16	10 min 70 min		X	X	diaporama (5 slides) 1-2 ressources / groupe (CDC...)	
1, 3, 4	10 min		X	X	diaporama de soutien (3 slides)	synthèses graphiques
1, 3, 4	90 min		X	X	diaporama (5 slides) 1-2 textes / groupe (CDC, OMS, ToL)	
1, 2, 3, 4, 16	10 min 60 min		X	X	diaporama (5 slides) 1-2 textes / groupe (CDC, OMS, ToL)	résumés écrits
1, 2, 3, 4	20 min 45 min		X	X	4 questions / groupes diaporama de soutien (5 slides)	cartes d'identité, réponses écrites
2, 4	25 min 45 min		X	X	diaporama (15 slides) 1-2 textes / groupe (CDC, OMS, ToL)	
1, 2, 3, 4	20 min 45 min		X	X	4 questions / groupes diaporama de soutien (5 slides)	cartes d'identité, réponses écrites
2, 4	25 min 45 min		X	X	diaporama (15 slides) 1-2 textes / groupe (CDC, OMS, ToL)	
1, 2, 3, 4	20 min 45 min		X	X	4 questions / groupes diaporama de soutien (5 slides)	cartes d'identité, réponses écrites
2, 4	25 min 45 min		X	X	diaporama (15 slides) 1 arbre / dyade + description	

2, 3, 4, 7, 8, 9	20 min	<ul style="list-style-type: none"> inférence des caractéristiques des différentes lignées comparaison des différents arbres entre eux mise-en-commun + re-formulation par l'enseignant devoir : création d'un arbre synthétisant données moléculaires et morphologiques 	X	X	diaporama de soutien (5 slides)	arbres synthétiques annotés
7, 8, 9	90 min	<ul style="list-style-type: none"> devoir : création d'un arbre synthétisant données moléculaires et morphologiques 	X	X	diaporama (50 slides)	
10, 11, 14, 15	90 min	<ul style="list-style-type: none"> Cours 8 : origine des eucaryotes et de la mitochondrie exposé ex-cathedra ponctué de... <ul style="list-style-type: none"> «un-deux-tous» «citer des applications» 	X	X	diaporama (50 slides)	
10, 11, 14, 15	90 min	<ul style="list-style-type: none"> Cours 9 : origine et propagation du plaste exposé ex-cathedra ponctué de... <ul style="list-style-type: none"> «un-deux-tous» «citer des applications» 	X	X	diaporama (50 slides)	
10, 11, 14, 15	120 min	<ul style="list-style-type: none"> Synthèse sur les origines devoir : création d'une carte conceptuelle synthétisant les deux derniers cours 	X	X		cartes conceptuelles
12, 13, 16	10 min 45 min	<ul style="list-style-type: none"> Cours 10 : Stephen Jay Gould accroche par l'enseignant (scientifique et vulgarisateur important) exploitation d'interviews (individuellement puis par groupes de 3-4) <ul style="list-style-type: none"> questionnement réfléchi (guidant la lecture et la compréhension des interviews) 	X	X	diaporama (5 slides) 1 interview / groupe 2 questions / groupes	
12, 13 16	35 min 30 min	<ul style="list-style-type: none"> mise-en-commun + re-formulation par l'enseignant + résumé/conclusion devoir : remise en forme des réponses aux questions 	X	X	diaporama de soutien (10 slides)	réponses écrites

Contenus du cours

1. Description du cours

En raison de leur taille microscopique, les microbes eucaryotes n'ont été découverts que relativement récemment -- au minimum à la fin du XVIIe siècle, qui a vu la diffusion du microscope. Avant cela, l'idée-même d'organismes unicellulaires était tout simplement inconnue.

Depuis leur découverte, les diverses classifications du Vivant ont essayé d'intégrer les eucaryotes unicellulaires, toujours comme un groupe monolithique généralement dénommé "protistes". Avec la découverte de la phylogénie moléculaire, les relations évolutives entre eucaryotes (microscopiques ou non) ont été largement remises en cause pour finalement conclure que les protistes sont un groupe artificiel, d'où ont émergé indépendamment plusieurs lignées d'organismes multicellulaires (ex. animaux, plantes, algues rouges et algues brunes).

Ce cours de spécialisation s'appuyant sur les connaissances acquises au cours de Microbiologie de BAC3 (partim Algologie et Mycologie) [MICRO711-A] vise trois objectifs principaux ou « intentions d'enseignement » : (O1) compléter le panorama des groupes eucaryotes (ex. excavates, rhizaria), (O2) approfondir la présentation des mécanismes et tendances à l'œuvre dans l'évolution des eucaryotes (ex. endosymbiose, transfert de gènes, simplification secondaire) et (O3) brosser un historique des conceptions entourant la classification du Vivant, en ce compris la notion d'arbre évolutif et l'apport de la phylogénie moléculaire à la systématique des eucaryotes unicellulaires.

2. Table des matières

1. [O3] Histoire de la classification du Vivant
2. [O1] Diversité des organismes parasites des animaux et des plantes de culture
3. [O1] *Plasmodium* et la malaria (*Apicomplexa*, *Alveolata*)
4. [O1] *Trypanosoma* et *Leishmania* (*Euglenozoa*, *Discoba*, *Excavata*)
5. [O1] *Giardia*, *Trichomonas*, *Dientamoeba* et *Naegleria* (*Metamonada* et autres *Discoba*)
6. [O1] *Entamoeba* et autres amibes (*Amoebozoa*)
7. [O1] *Cercozoa*, foraminifères et radiolaires (*Rhizaria*)
8. [O2/3] Mécanismes évolutifs à l'origine des eucaryotes et de la mitochondrie
9. [O2] Mécanismes évolutifs à l'origine du plaste et de sa propagation
10. [O2/3] Retour sur la théorie de l'évolution : la pensée de Stephen Jay Gould

Acquis d'apprentissage (objectifs d'apprentissage) du cours

Au terme de ce cours de Protistologie, les étudiants auront une bonne idée de la diversité et de la classification des principaux groupes de microbes eucaryotes. Ils seront également capables de discuter des mécanismes évolutifs ayant conduit à cette diversité et d'expliquer en quoi les principes sous-tendant la classification actuelle diffèrent des approches du passé.

Plus précisément, les étudiants pourront...

1. [O1] Se rappeler des différents groupes de parasites eucaryotes et des maladies qu'ils causent.
2. [O1] Reconnaître un taxon eucaryote sur base d'une description textuelle de ses caractéristiques discriminantes.

3. [O1] Exemplifier un taxon eucaryote sur base de son nom.
4. [O1] Classifier les archétypes d'organismes.
5. [O3] Comparer les conceptions présentes et passées en matière de classification du Vivant.
6. [O3] Attribuer un extrait de discours « classificatoire » à un auteur ou à une école de pensée.
7. [O3] Interpréter un arbre phylogénétique.
8. [O3] Comparer deux ou plusieurs arbres phylogénétiques.
9. [O1/3] Inférer les caractéristiques probables d'un organisme ou taxon inconnu sur base d'un arbre phylogénétique avec des organismes ou taxa connus.
10. [O2] Expliquer les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes.
11. [O1/2] Exemplifier les mécanismes évolutifs ayant conduit à la diversité actuelle des eucaryotes.
12. [O2/3] Expliquer la pensée de Stephen Jay Gould.
13. [O2/3] Exemplifier la pensée de Stephen Jay Gould.
14. [O1/2/3] Comparer des scénarios évolutifs.
15. [O1/2/3] Attribuer un scénario évolutif particulier à une école de pensée.

Prérequis et corequis / Modules de cours optionnels recommandés

Avoir suivi le cours de Microbiologie de BAC3 [MICR0711-1] (cours obligatoire du cursus de biologie) ou, à défaut, un autre cours de microbiologie (ou de botanique générale) couvrant également les algues et les champignons, si possible dans une perspective phylogénétique.

Activités d'apprentissage prévues et méthodes d'enseignement

Les séances de cours ne comporteront que peu d'exposés ex cathedra et, le cas échéant, ceux-ci seront de courte durée. A l'inverse, les méthodes d'enseignement seront le plus souvent « constructivistes », de sorte que les étudiants s'approprient activement la matière et apprennent à faire des liens entre les différentes thématiques du cours.

Un cours type (séances 3 à 6 et 10) se déroulera comme suit :

1. Bref exposé introductif par l'enseignant sur le thème ou les organismes du jour.
2. Exploitation de ressources documentaires anglophones imprimées depuis des sites généraux [Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Organisation Mondiale de la Santé (OMS), Tree of Life Web Project (ToL) etc.]. Concrètement, il pourra s'agir de construire des cartes d'identité pour une série de parasites, de répondre par écrit à des questions spécifiques ou de résumer de courts textes portant sur différents aspects (ex. historique, pathologie, évolution). Le travail se fera par petits groupes de 3 ou 4 étudiants, soit selon un mode « parallèle » (chaque étudiant exploite le même texte, mais les groupes ont des textes différents), soit selon un mode « coopératif » (chaque groupe dispose de tous les textes et les étudiants d'un groupe doivent se partager le travail). Durant ces activités, l'enseignant sera pleinement disponible et aidera à aplanir les difficultés qui se présenteraient.
3. Mise-en-commun en groupe complet. Dans certains cas, les étudiants pourront être amenés à faire des micro-présentations orales de leurs découvertes en s'appuyant sur les travaux de groupe et de petits diaporamas préparés par l'enseignant.
4. Mise-au-net des travaux de groupe (à domicile, à la bibliothèque etc.). Il ne s'agira pas de « devoirs » à rendre systématiquement. Toutefois, après chaque séance, les étudiants devront s'arranger pour faire parvenir à l'enseignant une version complète de chaque travail de groupe. Certains de ceux-ci seront évalués et interviendront dans la cote finale (voir plus loin).

Les autres séances de cours recourent à des méthodes d'enseignement plus spécifiques, dont voici une liste non-exhaustive :

- Remise en ordre de paragraphes tirés d'articles scientifiques de revue brossant l'histoire de la classification du Vivant en général et de la protistologie en particulier.
- Analyses taxonomiques et catégorisation des principaux organismes parasites assistées par ordinateur (travail interactif sur des sites web).
- Complétion d'arbres phylogénétiques masqués sur base de descriptions textuelles tirées d'articles scientifiques (cf. cours de BAC3).
- Inférence des caractéristiques de différentes lignées représentées dans des arbres phylogénétiques annotés.
- Comparaison raisonnée d'arbres phylogénétiques partiellement incompatibles.

Afin de favoriser l'établissement de liens entre les différentes thématiques du cours et de faciliter leur assimilation, les étudiants auront à créer (1) une ligne du temps, (2) un tableau graphique (type *Information is beautiful*), (3) un arbre phylogénétique annoté et (4) une carte conceptuelle (**mettre un lien vers des ressources en ligne**) synthétisant la matière vue en classe. Ces quatre devoirs seront individuels et cotés (voir plus loin) et prépareront les étudiants à l'examen final. Il leur sera demandé de donner libre cours à leur créativité.

Mode d'enseignement (présentiel ; enseignement à distance)

Cours en présentiel de 90 min.

Lectures recommandées ou obligatoires et notes de cours

Les articles distribués en classe et les diaporamas seront mis à disposition des étudiants via le portail web myULg.

Modalités d'évaluation et critères

A DISCUTER AVEC VOUS :

- 2 résumés au choix sur 5 possibles
- 1 ligne du temps
- 1 « tableau graphique »
- 1 arbre annoté
- 1 carte conceptuelle
- quid examen ?

Stage(s)

/

Remarques organisationnelles

La prise de notes sur un ordinateur portable ou une tablette est autorisée. Les étudiants sont néanmoins encouragés à ne pas « surfer » ni « chatter » au cours.

Contacts

Prof. Denis BAURAIN
Institut de Botanique B22 (P70)
3^{ème} étage, local 3.75
denis.baurain@ulg.ac.be

Notes en ligne

Il n'y a pas de notes en ligne

6.2. Analyse de mes supports à l'apprentissage

Dans cette section, je propose quelques « éléments de preuve » sans les discuter plus avant. Pour leur mise en contexte, le lecteur est renvoyé aux parties réflexives du présent portfolio.

Il est à noter que mes supports de cours sont en **français** au BAC3 et en **anglais** au M1 (et M2), sauf pour le cours de « *Compléments de microbiologie : Protistologie* » du M1 BBMC, pour lequel les supports théoriques sont en français et les documents introduisant les activités en anglais. Des supports d'apprentissage en anglais facilitent la compréhension des étudiants Erasmus, exposent nos étudiants à l'anglais scientifique et — plus prosaïquement — évitent de devoir trouver un vocable français adéquat pour chaque concept repris de la littérature primaire. Lors des examens (oraux ou écrits), j'accepte les réponses dans les deux langues.

Les supports présentés sont les suivants :

- *Microbiologie (partim 1 : Algologie mycologie)*
 - Exemple de « résumé à trous » à compléter en séance.
 - Figure synthétique à compléter en séance à partir des éléments donnés oralement par les porte-paroles de différents groupes (5-6 étudiants) après une recherche documentaire menée collectivement (= co-construction du savoir). Brièvement, chaque groupe dispose des photocopies d'un chapitre de livre sur une classe différente d'algues. L'activité consiste à composer une « carte d'identité » standardisée (dont le modèle est projeté à l'écran) de la classe en question, en retrouvant les éléments nécessaires dans le chapitre. La figure à compléter a pour but d'inciter les étudiants à rester concentrés pendant la mise en commun qui suit.
 - Arbre phylogénétique à compléter en séance (1) sur base d'un extrait de l'article original et (2) par déduction pure en utilisant les informations données dans l'exposé *ex cathedra* précédant immédiatement l'activité.
 - Extrait d'article scientifique correspondant à l'arbre à compléter (travail de l'anglais scientifique et du vocabulaire de description d'arbres phylogénétiques).
- *Méthodes de phylogénie*
 - Extrait d'un quizz par équipes (15 questions) destiné à faire prendre conscience aux étudiants de l'utilité d'approfondir des notions partiellement « déjà vues » l'année précédente. Ce quizz dure environ 1 h et prend place à la toute première leçon. Il est suivi de quelques rappels théoriques avant d'entamer la matière spécifique à cet enseignement (plus mathématique et algorithmique) dès la séance suivante.
 - Exemple d'exercice d'application d'un algorithme tout juste expliqué en classe. L'exercice prend environ 1 h et est corrigé collectivement à l'aide d'un pas à pas (non présenté car réparti sur une douzaine de diapositives). L'application de cet algorithme fait partie des questions « tuyaux » de l'examen écrit.
 - Exemples de deux défis brefs (10 min) pour stimuler l'attention des étudiants et ancrer de manière ludique les concepts théoriques présentés dans la leçon du jour.

- *Bioinformatique*
 - Quiz individuel servant à revoir rapidement les concepts de biologie moléculaire de base avant d'attaquer leur modélisation informatique. La correction est collective (chaque étudiant tente de répondre oralement à l'une des questions).
 - Exemple d'exercice d'application bref (10 min) qu'il m'est arrivé de donner comme devoir pour la séance suivante en cas de manque de temps. A nouveau, il porte sur des concepts présentés immédiatement avant son énoncé.
 - Exemple de défi bref (10 min) ayant cette fois pour but d'introduire un nouvel exposé théorique (= motivation). Il se déroule après une introduction générale à la matière du jour et permet de faire prendre conscience aux étudiants des difficultés conceptuelles auxquelles s'attendre dans la suite du cours.
 - Exemple de correctif d'examen présentant différents types de questions. Le questionnaire est très similaire si ce n'est que la grille de correction n'y figure pas.

Microbiologie *partim* Algologie et Mycologie

Résumé du Cours 1 – Introduction

Le *partim* « Algues et champignons » du cours de Microbiologie poursuit quatre objectifs : (i) se familiariser avec les principaux groupes d'organismes traditionnellement qualifiés d'**algues** et de **champignons**, (ii) comprendre leur position dans la **diversité** du Vivant et maîtriser les bases de leur **classification**, (iii) faire connaissance avec une série d'organismes représentatifs de ces groupes et présentant un intérêt **évolutif, écologique, médical, expérimental** ou **industriel** et (iv) s'essayer à l'observation et à l'identification de quelques espèces vivant aux alentours du Sart Tilman (travaux pratiques).

Ce cours introductif est articulé autour de quatre sous-objectifs correspondant au premier objectif principal : (i) comprendre l'**organisation du Vivant**, (ii) partager l'objectif d'une **classification**, (iii) prendre conscience de la **diversité réelle des Eucaryotes** et (iv) percevoir l'artificialité des groupes traditionnels et l'**inadéquation des critères** de classification usuels. Pour ce faire, il part de vos représentations en matière de diversité du Vivant afin de démontrer que nos **connaissances** sont assez **limitées** et fortement **biaisées** en faveur des **Eucaryotes multicellulaires** (que l'on voit à l'œil nu).

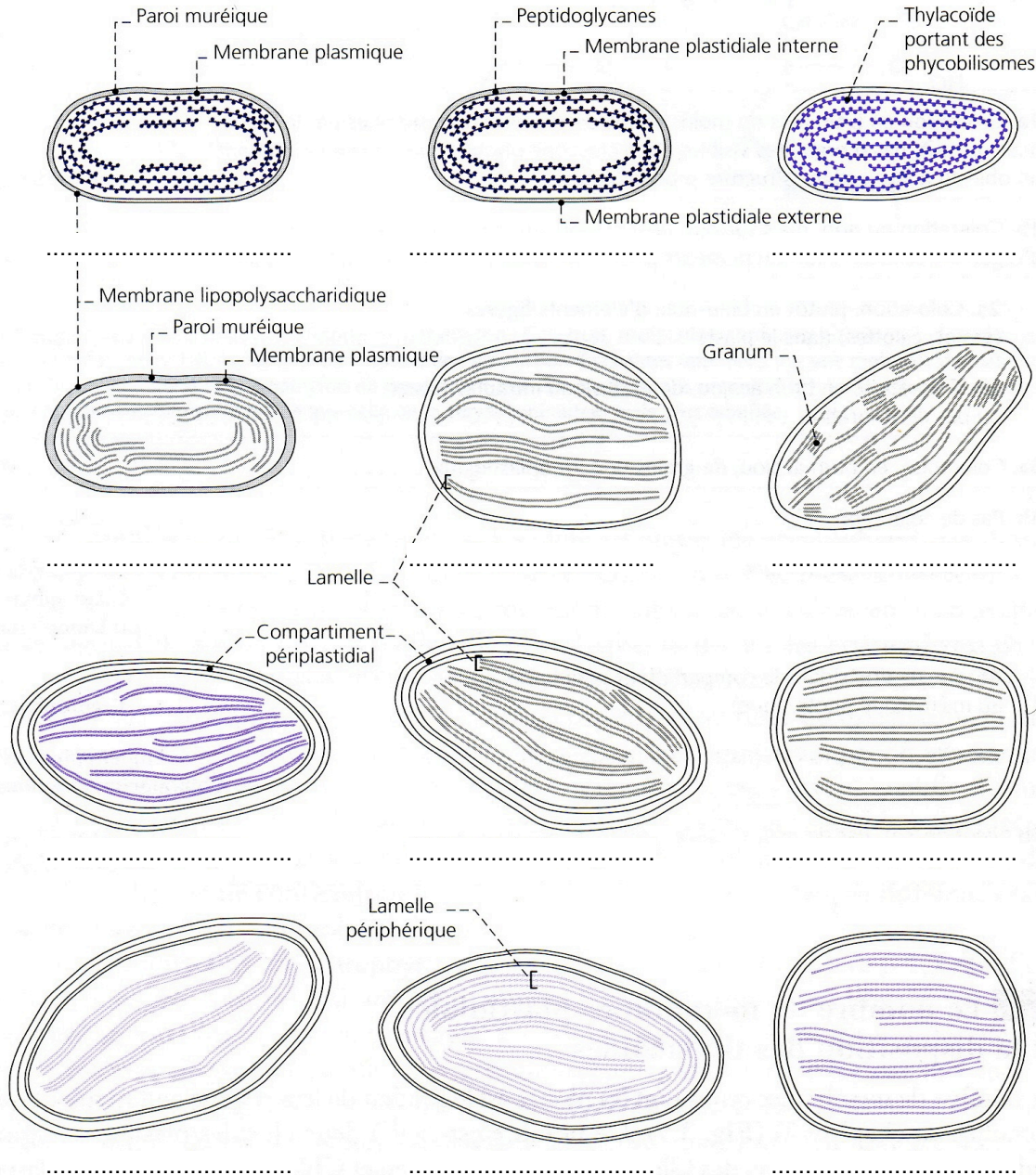
Ainsi, si l'on pose la question : « *Quels sont les grands groupes d'êtres vivants ?* », on obtiendra une réponse similaire de la part du grand public (informé) et des biologistes généralistes, à savoir qu'il existe des **microbes bactériens** (qui rendent malades), des **microbes** (ex. la levure), des **plantes**, des **champignons** et des **animaux**. Or, ces **cinq « règnes »** sont précisément ceux du système dit « **de Whittaker** », du nom de l'écologiste américain qui les a proposés en 1969. Dans cette classification, toujours enseignée dans de nombreux cursus de biologie et dans laquelle les sont **exclus** du Vivant, les organismes sont positionnés selon **deux axes** : le niveau de **complexité** et le **mode nutritionnel** (photosynthèse, ou ingestion).

En dépit de sa logique cohérente (et de l'aveu-même de son créateur), le système à cinq règnes de R. Whittaker a pour conséquence de définir des ensembles qui sont au mieux

paraphylétiques, le plus souvent polyphylétiques, ce qui est loin de refléter la **phylogénie** des espèces – c'est-à-dire l'**histoire des** – dans le cadre de raisonnement de la théorie de l'évolution de Ch. Darwin (1859). Pour rappel, les seuls groupements autorisés en **systematique phylogénétique** (W. Hennig, 1966) sont les **groupes naturels** (on dit aussi **monophylétiques**), dans lesquels tous les membres descendent d'**un même ancêtre commun** qui, lui, n'a pas de descendants en dehors du groupe en question (ex. les primates ou les grands singes). A l'inverse, si un groupe dérive aussi d'un seul ancêtre commun, il **n'inclut pas tous les descendants** de ce dernier (ex. les reptiles, qui excluent les oiseaux), tandis qu'un groupe **polyphylétique** est un ensemble **complètement artificiel** (ex. les, tels que l'éléphant et l'hippopotame). Dans un contexte phylogénétique, la seule réponse correcte à la question ci-dessus est donc que le monde Vivant est organisé en **trois « domaines »** : les **Eucaryotes**, ou cellules à noyau, et deux groupes de « procaryotes » dépourvus de noyau, les **Bactéries** et les **Archées**.

Parmi les Eucaryotes, la diversité est très grande, surtout dans les **95% d'unicellulaires**. Selon les derniers résultats de la **phylogénie moléculaire**, on reconnaît **six « super-groupes »** : (i) (animaux et vrais champignons), (ii) Amoebozoa, (iii) Archaeplastida (algues rouges et plantes vertes), (iv) Excavates, (v) « CCTH clade » et (vi) « SAR clade » (dont les mildious et les algues brunes). A la lumière de la phylogénie, il apparaît que tant les « **algues** » que les « **champignons** » sont éclatés entre plusieurs de ces super-groupes. Ce sont donc deux ensembles, tandis que les « **protistes** » (dénomination usuelle des Eucaryotes unicellulaires) sont au mieux un groupe **paraphylétique**. De même, les **caractères distinctifs traditionnels** utilisés en classification (chloroplaste, mitochondries réduites, organisation primitive liée à un mode de vie parasitique, ou encore multicellularité) sont tous **distribués de façon discontinue** dans l'arbre des Eucaryotes. Pour tendre vers une classification naturelle, il faut dès lors les abandonner au profit des **caractères**

Nombre de membranes plastidiales et disposition des thylacoïdes



- | | |
|------------------------|--------------------|
| 1 Chlorarachniophyceae | 7 Glaucophyta |
| 2 Chlorophyta | 8 Haptophyta |
| 3 Cryptophyta | 9 Ochrophyta |
| 4 Cyanobacteria | 10 Prochlorophytes |
| 5 Dinophyta | 11 Rhodophyta |
| 6 Euglenophyceae | 12 Streptophyta |

d'après de Reviere (2002–2003) Biologie et phylogénie des algues

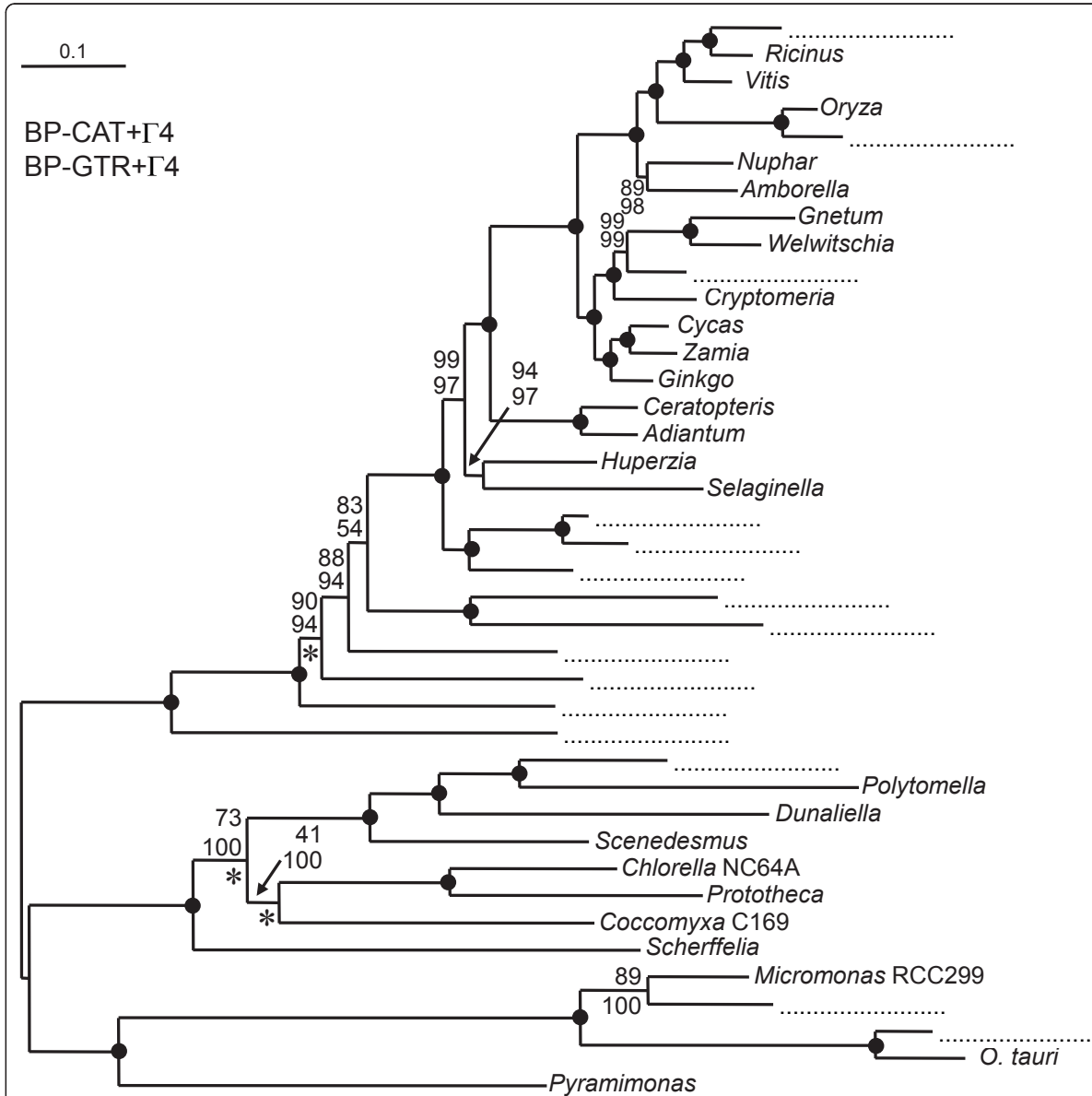


Figure 1 Consensus Tree inferred by PhyloBayes under the CAT+ Γ 4 using the viridiplant data set of 40 taxa and 30,270 amino acid positions (129 concatenated nuclear encoded proteins). An identical topology was obtained with two different methods (ML, BI) and four different models applied (site homogeneous ML, LG+F+ Γ 4 and GTR+ Γ 4; site heterogeneous BI, CAT+ Γ 4 and CATGTR+ Γ 4). Numbers represent (in order from top to bottom) the bootstrap support values for the PhyloBayes CAT+ Γ 4 and the RAxML GTR+ Γ 4 analyses. Black dots indicate that the branch was supported by a BP of 100% using both models. All except three nodes, which are indicated by a star, were supported by posterior probabilities (PP) of 1. The scale bar denotes the estimated number of amino acid substitutions per site.

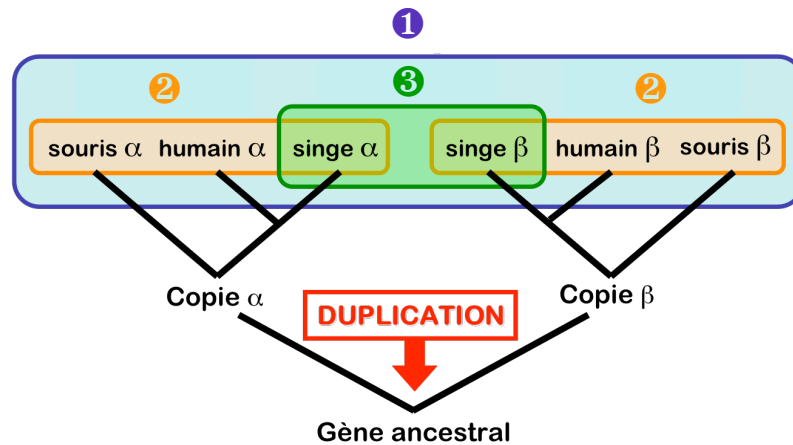
Wodniok et al. (2011) Origin of land plants: Do conjugating green algae hold the key? *BMC Evol Biol* 11:104

- | | |
|---|---|
| 1 <i>Chara</i> (Charales) | 9 <i>Ostreococcus lucimarinus</i> (Mamiellophyceae) |
| 2 <i>Chlamydomonas</i> (Chlorophyceae) | 10 <i>Physcomitrella</i> (Bryophyta) |
| 3 <i>Closterium</i> (Zygnematales) | 11 <i>Picea</i> (Coniferophyta) |
| 4 <i>Coleochaete</i> (Coleochaetales) | 12 <i>Populus</i> (Magnoliophyta) |
| 5 <i>Klebsormidium</i> (Klebsormidiales) | 13 <i>Spirogyra</i> (Zygnematales) |
| 6 <i>Marchantia</i> (Marchantiophyta) | 14 <i>Tortula</i> (Bryophyta) |
| 7 <i>Mesostigma</i> (Mesostigmatales) | 15 <i>Zea</i> (Magnoliophyta) |
| 8 <i>Micromonas pusilla</i> (Mamiellophyceae) | |

**Wodniok S, Brinkmann H, Glockner G, Heidel AJ, Philippe H, Melkonian M, Becker B (2011)
Origin of land plants: Do conjugating green algae hold the key? *BMC Evol Biol* 11: 104**

(...) The molecular phylogeny of embryophytes and chlorophyte algae (outgroup) is in agreement with other recently published phylogenies [14,23,30-32] and supports the monophyly of liverworts and mosses which is however still a matter of debate [33]. The phylogeny of the streptophyte algae is asymmetrical. *Mesostigma* is sister to all the remaining streptophytes, as in other studies without *Chlorokybus* [18, 19, 24]. There is a long, highly supported, branch at the base of the clade uniting the other streptophyte algae and embryophytes, likely indicating the elapse of a substantial amount of time. In contrast, the phylogeny of the remaining streptophyte algae resembles an adaptive radiation, with the five major lineages, including the embryophytes, appearing serial, but with relatively short internal branches. Within this clade, *Klebsormidium* is sister to all the other species. The Charales are sister to a clade comprising Coleochaetales, Zygnematales and embryophytes and are therefore an unlikely candidate as the sister-group of the embryophytes (only BP of 5% and 2% with CAT+ Γ 4 and GTR+ Γ 4 models, respectively). The latter clade is moderately well supported (BP of 88% and 94%) and its support is lower than for the clade *Klebsormidium*+*Chara*+Coleochaetales+Zygnematales+embryophytes (100%). However, the sister-group relationship of embryophytes and Zygnematales (BP 83% and 54%) is less well supported, especially in the analysis under the site-homogeneous GTR+ Γ 4 model. A fraction of the bootstrap replicates supports the alternative topology that unites *Coleochaete* with the Zygnematales (BP 12% and 35%, respectively). The data indicate that *Mesostigma*, *Chara*, *Klebsormidium* and *Coleochaete* are evolving at a comparable and moderate rate, with embryophytes and Zygnematales evolving faster. For instance, the Zygnematales appear to have evolved twice as fast as *Coleochaete*. (...)

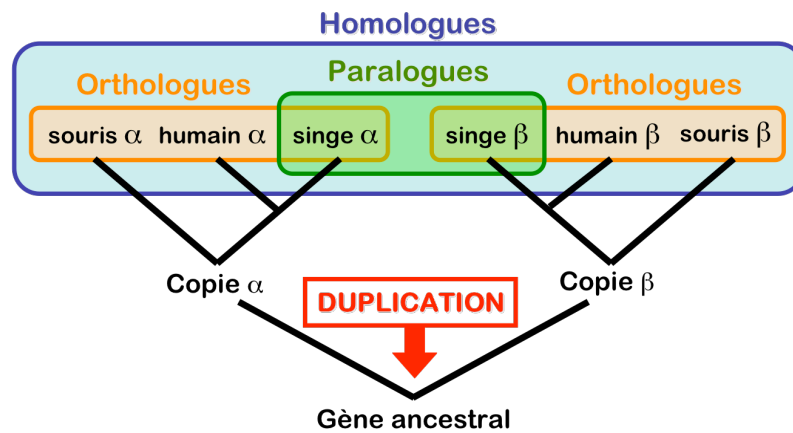
Quels termes cachent 1, 2, 3 ?



[04]

Rodriguez-Ezpeleta (2007) Ph.D Thesis

Quels termes cachent 1, 2, 3 ?



[04]

Rodriguez-Ezpeleta (2007) Ph.D Thesis

Exercise

- Use the algorithm of Needleman and Wunsch (1970) to determine the best global alignment of the strings VEITGEIST and PRETERIT and to compute its score.
- 3 scoring schemes
 - $r = -1, d = -1$ and $e = +1$
 - $r = -1, d = -2$ and $e = +1$
 - $r = -5, d = -2$ and $e = +1$

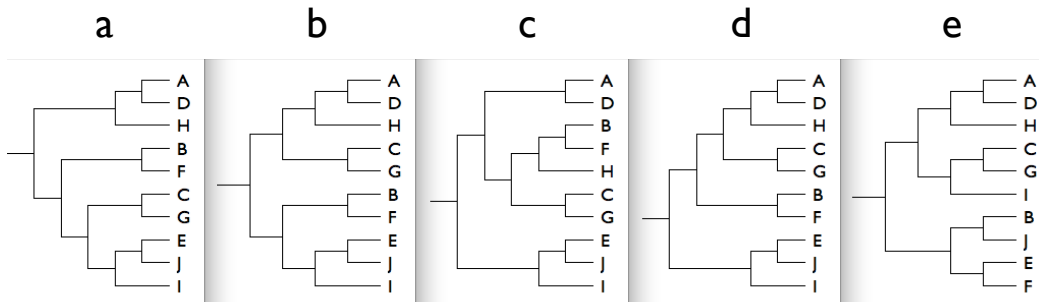
Exercise: Solutions

- $r = -1, d = -1$ et $e = +1$
-VEITGE-IST
PRE-T-ERI-T (-1)
- $r = -1, d = -2$ et $e = +1$ (as in the demo)
VEITGEIST
PRET-ERIT (-4)
- $r = -5, d = -2$ et $e = +1$
V--EITGE-IST
-PRE-T-ERI-T (-9)

Newick Format

Connect each Newick string to its tree!

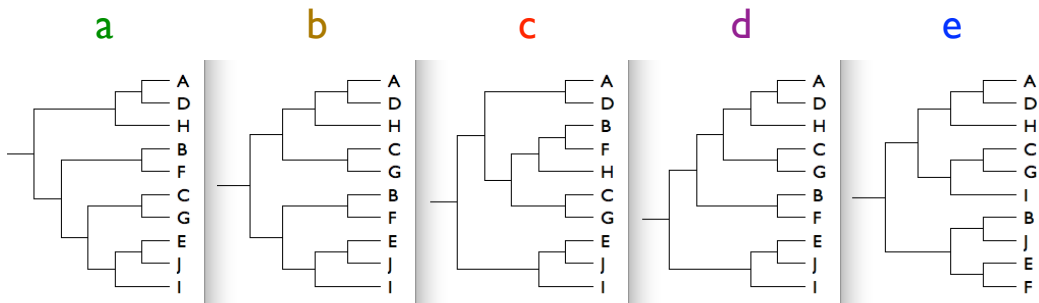
1. ((I,(E,J)),((B,F),((C,G),((A,D),H))));
2. (((I,(C,G)),((A,D),H)),((E,F),(B,J)));
3. (((A,D),H),((B,F),((C,G),(I,(E,J)))))
4. ((I,(E,J)),((A,D),((C,G),((B,F),H))));
5. (((I,(E,J)),(B,F)),((C,G),((A,D),H)));



Newick Format

Connect each Newick string to its tree!

1. ((I,(E,J)),((B,F),((C,G),((A,D),H))));
2. (((I,(C,G)),((A,D),H)),((E,F),(B,J)));
3. (((A,D),H),((B,F),((C,G),(I,(E,J)))))
4. ((I,(E,J)),((A,D),((C,G),((B,F),H))));
5. (((I,(E,J)),(B,F)),((C,G),((A,D),H)));



Statistical Support

Connect each split list in dot-star format to its tree!

1	2	3	4	5
IEJBF CGADH	ICGADHEFBJ	ADHBF CGIEJ	IEJADCGBFH	IEJBF CGADH
.....************************
.....**.*****.**.**.
.....**..**..**..**..**..
..*.....**	..*.....**	..*.....**	..*.....**	..*.....**
.....***************
.....**..**..**..**..**..
.....*************************
a	b	c	d	e

Statistical Support

Connect each split list in dot-star format to its tree!

1	2	3	4	5
IEJBF CGADH	ICGADHEFBJ	ADHBF CGIEJ	IEJADCGBFH	IEJBF CGADH
.....************************
.....**.*****.**.**.
.....**..**..**..**..**..
..*.....**	..*.....**	..*.....**	..*.....**	..*.....**
.....***************
.....**..**..**..**..**..
.....*************************
a	b	c	d	e

Genes and Proteins

choose True or False

1. All proteins are formed from chains of simpler molecules called nucleotides.
2. The amino acids chain rapidly folds itself into the two-dimensional shape that ultimately determines its function.
3. Even small errors in the sequence can result in altered protein shape and performance, while major disruptions to their structure are likely to completely abolish function.
4. Amino acid sequences also have an orientation: C-terminus to N-terminus.
5. The process of going from a gene encoded in DNA to a protein made up of amino acids is divided conceptually into two steps: translation (DNA→RNA) and transcription (RNA→Protein).
6. Not all genes encode proteins – sometimes RNA is the end-product.
7. The ribosome does not simply start reading the mRNA sequence from one end; there are both 5' and 3' untranslated regions (UTRs) that flank the sequence to be translated into protein.

Thursday, October 10, 13

4

Genes and Proteins

choose True or False – answers

1. All proteins are formed from chains of simpler molecules called **amino acids**.
2. The amino acids chain rapidly folds itself into the **three**-dimensional shape that ultimately determines its function.
3. **Even small errors in the sequence can result in altered protein shape and performance, while major disruptions to their structure are likely to completely abolish function.**
4. Amino acid sequences also have an orientation: **N**-terminus to **C**-terminus.
5. The process of going from a gene encoded in DNA to a protein made up of amino acids is divided conceptually into two steps: **transcription** (DNA→RNA) and **translation** (RNA→Protein).
6. **Not all genes encode proteins – sometimes RNA is the end-product.**
7. **The ribosome does not simply start reading the mRNA sequence from one end; there are both 5' and 3' untranslated regions (UTRs) that flank the sequence to be translated into protein.**

Thursday, October 10, 13

5

DNA Words

application exercise

- Among these three DNA words, **which is the most likely** under the Markov model defined by the following transition matrix? Assume equal starting probabilities.

$$T = \begin{pmatrix} 0.6 & 0.2 & 0.1 & 0.1 \\ 0.1 & 0.1 & 0.8 & 0.0 \\ 0.2 & 0.2 & 0.3 & 0.3 \\ 0.1 & 0.8 & 0.0 & 0.1 \end{pmatrix}$$

$$\pi = (0.25, 0.25, 0.25, 0.25)$$

1. CAGCCGAT
2. AAAGTCGG
3. TCCAGAAT

- And **what about** the word ATGCAGCT?

$$P(s) = \pi(s_1) \prod_{i=2}^n p_{s_{i-1}s_i}$$

Cristianini and Hahn (2007) *Introduction to Computational Genomics*

Wednesday, October 2, 13

66

DNA Words

application exercise

$$\begin{aligned} P(\text{CAGCCGAT}) &= \pi_C \times p_{CA} \times p_{AG} \times p_{GC} \times p_{CC} \times p_{CG} \times p_{GA} \times p_{AT} \\ &= 0.25 \times 0.1 \times 0.1 \times 0.2 \times 0.1 \times 0.8 \times 0.2 \times 0.1 \\ &= 8.10^{-7} \end{aligned}$$

$$\text{Thus } \ln(P(\text{CAGCCGAT})) = \ln(8.10^{-7}) = -14.03$$

$$\text{Or, equivalently, if } \hat{T} = \begin{pmatrix} -0.51 & -1.61 & -2.30 & -2.30 \\ -2.30 & -2.30 & -0.22 & \text{NaN} \\ -1.61 & -1.61 & -1.20 & -1.20 \\ -2.30 & -0.22 & \text{NaN} & -2.30 \end{pmatrix}$$

$$\text{and } \hat{\pi} = (-1.39, -1.39, -1.39, -1.39)$$

$$\begin{aligned} \ln(P(\text{CAGCCGAT})) &= \hat{\pi}_C + \hat{p}_{CA} + \hat{p}_{AG} + \hat{p}_{GC} + \hat{p}_{CC} + \hat{p}_{CG} + \hat{p}_{GA} + \hat{p}_{AT} \\ &= -1.39 - 2.30 - 2.30 - 1.61 - 2.30 - 0.22 - 1.61 - 2.30 \\ &= -14.03 \end{aligned}$$

$$\ln(P(\text{AAAGTCGG})) = -1.39 - 0.51 - 0.51 - 2.30 - 1.20 - 0.22 - 0.22 - 1.20 = -7.55$$

$$\ln(P(\text{TCCAGAAT})) = -1.39 - 0.22 - 2.30 - 2.30 - 2.30 - 1.61 - 0.51 - 2.30 = -12.93$$

$$\ln(P(\text{ATGCAGCT})) = \text{NaN} \quad [\text{forbidden transition; T should be fixed}]$$

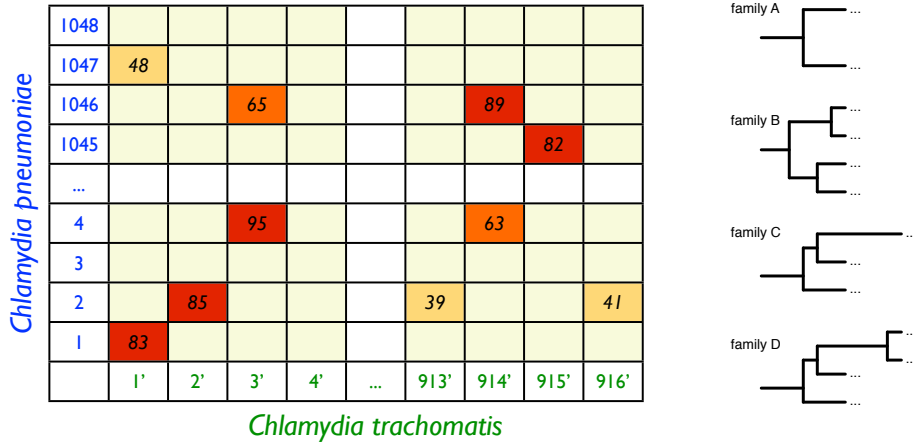
Wednesday, October 2, 13

67

Orthology and Paralogy

identifying orthologues by BRH

Use the similarity matrix below to deduce speciation (orthologues) and duplication (paralogues) events in these 4 gene families.



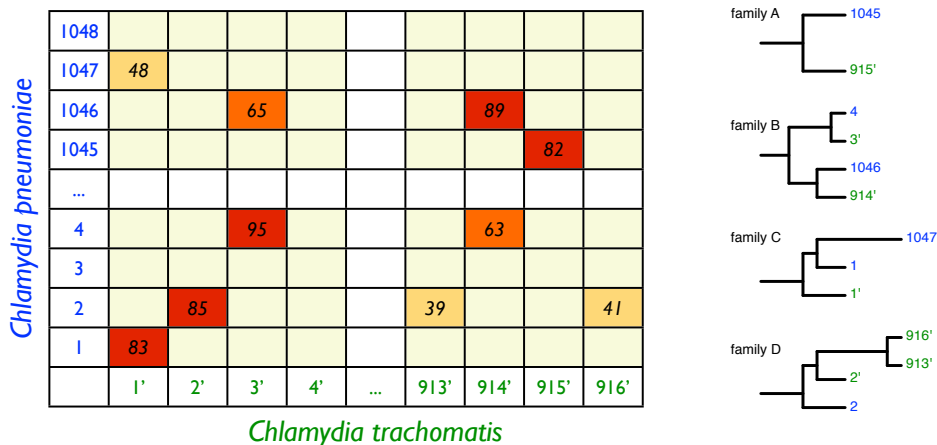
Monday, November 25, 13

17

Orthology and Paralogy

identifying orthologues by BRH

Use the similarity matrix below to deduce speciation (orthologues) and duplication (paralogues) events in these 4 gene families.



Monday, November 25, 13

18

CORRIGÉ

M1-BBMC / Juin 2013

Bioinformatique

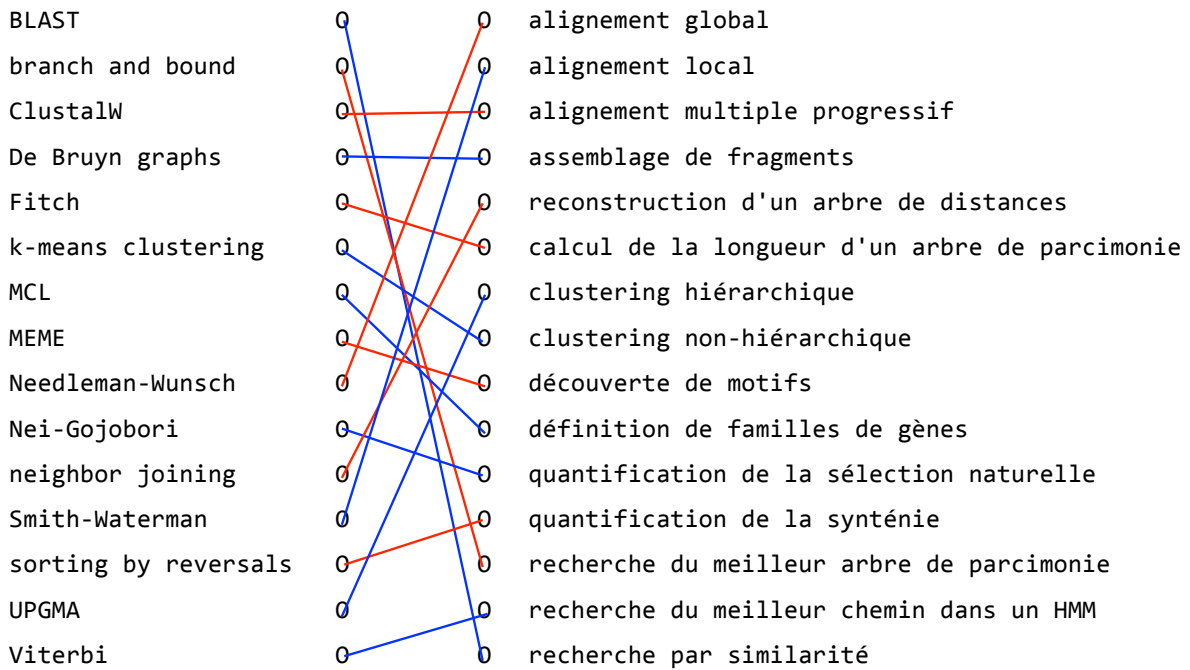
- 1a. Associez chacun des algorithmes de la liste à leur application.
 1b. Citez-en deux qui ont été présentés au cours comme des heuristiques et trois qui se basent sur la programmation dynamique.

Grille de cotation (sur 20)

- 1a. associations : 15 (15 x 1)
 1b. exemples : 5 (2 x 1 + 3 x 1)

Réponse idéale

1a.



1b.

- Heuristiques (2 au choix parmi) : BLAST, ClustalW, k-means clustering, sorting by reversals (d'autres pourraient sans doute être inclus)
- Programmation dynamique : Needleman-Wunsch, Smith-Waterman, Viterbi

CORRIGÉ

M1-BBMC / Juin 2013

Bioinformatique

- 2a. En quoi consiste un test de randomisation ?
- 2b. Dans quelles circonstances (théoriques) y a-t-on recours ?
- 2c. Comment en dérive-t-on une p-value significative ?
- 2d. Citez trois applications vues au cours et, pour chacune, expliquez en une phrase ce qui est (1) randomisé et (2) examiné dans le test.

Grille de cotation (sur 20)

- 2a. principe : 4 (2 + 1 + 1)
- 2b. circonstances : 2
- 2c. procédure : 4 (2 + 2)
- 2d. applications : 10 (3 + 3 + 4)

Réponse idéale

2a. Un test de randomisation consiste à dériver une distribution nulle à partir des vraies données, c'est-à-dire à générer (souvent par permutation) une distribution de la statistique du test sous l'hypothèse H_0 .

2b. Ce type de tests est utile quand il n'est pas possible de calculer exactement la p-value associée à une observation.

2c. La p-value est obtenue en déterminant le rang de la statistique du test observée dans la distribution nulle. Pour être significative à un seuil de 0.05, la statistique observée doit être dans le top 5%.

2d. Les trois applications vues au cours sont :

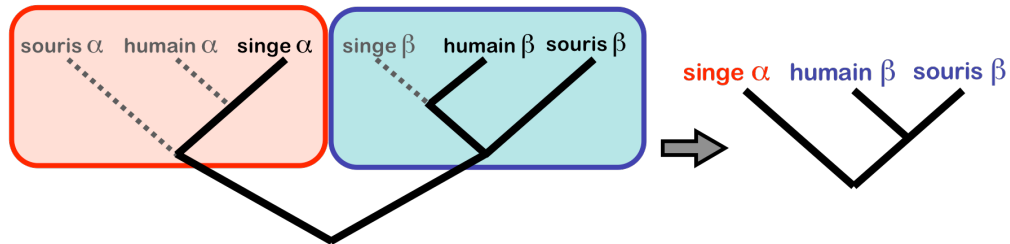
- prédiction d'ORFs : c'est la séquence génomique qui est permutée et la longueur des ORFs qui est examinée ;
- alignement de séquences : c'est une des deux séquences à aligner qui est permutée et le score des alignements qui est examiné ;
- découverte de motifs : ce sont les partitions de « gènes du soir » vs. « gènes contrôles » qui sont randomisées et les marges des motifs les meilleurs qui sont examinées.

CORRIGÉ

M1-BBMC / Juin 2013

Bioinformatique

3. Expliquez la figure ci-dessous en utilisant le vocabulaire le plus technique possible. Vous pouvez annoter le schéma si vous le désirez.



Grille de cotation (sur 20)

- vocabulaire : 12 (6 x 2)
- paralogie cachée : 8 (2 + 6 x 1)

Réponse idéale

Les copies alpha et bêta sont des paralogues résultant d'une duplication ayant précédé la divergence des trois espèces en présence. Si l'on ne considère qu'une copie à la fois, par exemple la copie alpha, les gènes des trois espèces sont des orthologues résultant d'événements de spéciation. Pris tous ensemble, les six gènes sont des homologues puisqu'ils remontent tous à un même gène ancestral.

Si l'on essaie de construire un arbre phylogénétique sur base de copies paralogues (ici une alpha et deux bêta), on court le risque de retrouver des relations de parenté erronées. Cela peut arriver lorsque certaines copies ont été perdues différenciellement chez plusieurs espèces. On parle alors de paralogie cachée. En général, seuls les gènes orthologues sont exploitables pour inférer les relations de parenté entre organismes.

CORRIGÉ

M1-BBMC / Juin 2013

Bioinformatique

4. Etant donné l'alignement ci-dessous, utilisez l'algorithme de Fitch pour calculer la longueur de l'arbre enraciné suivant : ((A,(B,C)),(D,(E,F))); Présentez votre démarche sur un schéma de l'arbre.

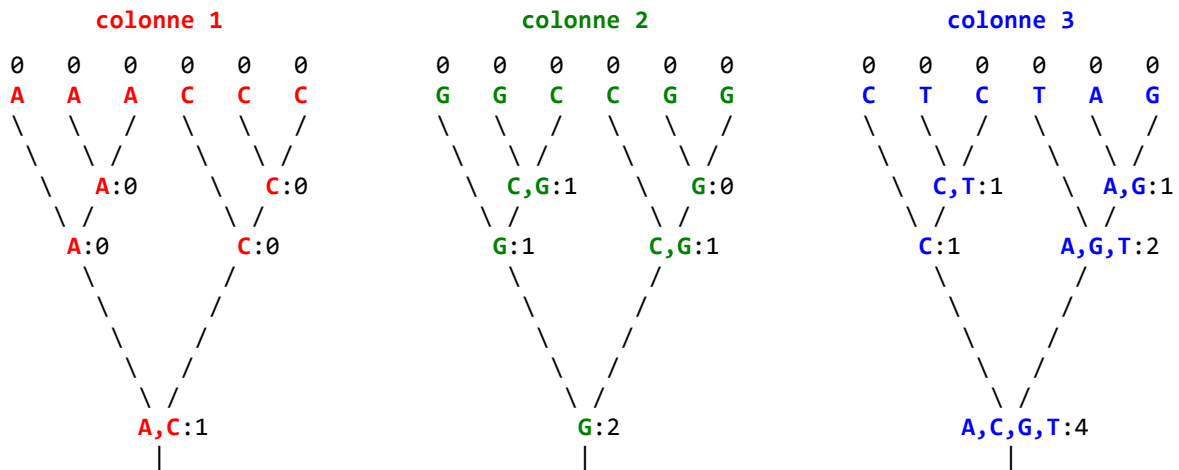
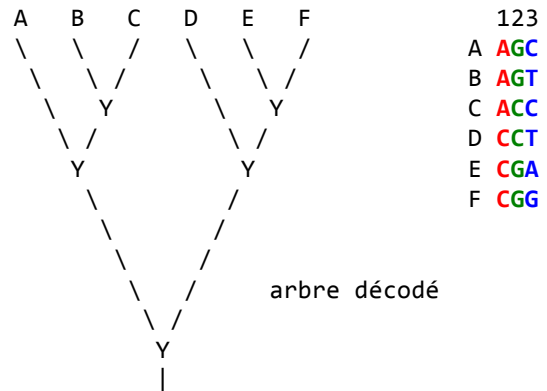
- A -> AGC
- B -> AGT
- C -> ACC
- D -> CCT
- E -> CGA
- F -> CGG

Grille de notation (sur 20)

- décodage de l'arbre : 4
- analyse par colonne : 5
- algorithme correct : 12

Solution

Pour commencer, il est nécessaire de décoder l'arbre donné en notation parenthésée (ci-contre). Ensuite, il faut considérer successivement les 3 colonnes de l'alignement et calculer la longueur de chacune en appliquant l'algorithme de Fitch (ci-dessous). Enfin, il reste à sommer ces longueurs partielles pour obtenir la longueur totale de l'arbre.



Longueur totale de l'arbre = 1 + 2 + 4 = 7

6.3. Evaluations des mes enseignements

Dans le cadre de la procédure d'évaluation en vue d'une nomination à titre définitif, quatre de mes principaux enseignements (en termes de nombre d'étudiants) ont fait l'objet d'évaluations pédagogiques auprès des étudiants qui les ont suivis en 2012–2013.

6.3.1. *Méthodes de phylogénie*

A l'heure de rédiger ces lignes, je n'ai pas encore reçu les résultats concernant ce cours dispensé au M1 BOE (et BIM). Je n'en parlerai donc pas ici, et ce avec regret car mon assistant (M. Damien SIRJACOBS) et moi-même nous y sommes particulièrement investis, notamment en créant des séances de travaux dirigés avec le logiciel « R ». D'après les retours des étudiants, cet enseignement passe plutôt bien, mais ce sentiment reste à confirmer statistiquement.

6.3.2. *Microbiologie (partim 1 : Algologie et mycologie)*

Au BAC3 BIO, je suis titulaire du partim « *Algologie et mycologie* » du cours de « *Microbiologie* », dispensé conjointement avec deux collègues, MM. Bernard JORIS et Jacques PIETTE, respectivement bactériologiste et virologue. Un peu moins de la moitié des étudiants (23 sur 55) ont rempli les formulaires d'évaluation de cet enseignement. Globalement, les moyennes sont (très) positives, surtout pour l'évaluation du cours en lui-même (entre 5 et 6 à tous les items). De même, l'examen théorique (QCM sans pénalité en cas d'erreur) a reçu une appréciation similaire, tandis que les travaux pratiques sont un peu moins bien perçus (entre 4 et 5,5).

Je suis satisfait de ces résultats dans la mesure où c'est la matière que je maîtrisais le moins au départ et qui m'a donc demandé un temps de préparation considérable. A l'inverse, mon prédécesseur (M. Vincent DEMOULIN) donnait un cours très érudit, mais sans aucun autre support que des diapositives projetées en séance pour illustrer son discours oral. Il m'a donc fallu construire tout un cours théorique à partir de zéro, quoique j'aie utilisé la table des matières de M. DEMOULIN comme une sorte de « *check-list* » de la matière à couvrir.

Parmi les points qui m'interpellent dans les évaluations, l'item « *vous avez fait des progrès en méthodes* » reçoit une moyenne de 5–5,5, mais aussi quatre « sans objet ». Manifestement, je n'ai pas réussi à faire comprendre à 15% des étudiants que les concepts et les raisonnements m'importaient plus que les collections de faits (*cf. SECTION 2.2*). Pourtant, le cœur du message méthodologique de ce cours de « *Microbiologie* » (tel que je le conçois) est de leur apprendre à structurer la biodiversité sur base des relations de parenté entre organismes. Il faudra donc que j'explique davantage mes objectifs par rapport à ces questions et que je réfléchisse sérieusement au mode d'évaluation (75% QCM et 25% rapports de travaux pratiques), car il est probable que les questions de QCM, du moins dans leur forme actuelle, ne traduisent pas mes intentions.

Si je n'ai pas à proprement parler de syllabus, les diapositives de mes diaporamas (plus de 550 pour seulement 10 leçons) sont structurées et riches en informations. De plus, ces diaporamas sont additionnés d'un « résumé à trous » (2–5 pages par cours) que les étudiants reçoivent en début de séance et doivent compléter en vue d'une lecture collective en fin de leçon (*cf. SECTION 6.2*). Au total,

il me semble donc que mes supports sont adéquats et je suis dès lors un peu surpris que l’item « *le cours écrit est bien structuré et clair* » reçoive huit « sans objet » pour une moyenne de 5,5–6. Peut-être que distribuer tous les résumés en un cahier relié en début d’année changerait la perception des étudiants, mais cela se ferait au prix d’une certaine stagnation des contenus, alors que je continue de les actualiser avant chaque leçon.

En ce qui concerne les travaux pratiques (4 séances de 3–4 h dispensées en deux séries), je soupçonne qu’une part des retours plus faibles provienne de problèmes de coordination et de synchronisation avec le cours théorique. Le manque de coordination n’est pas irrémédiable : je n’ai jusqu’à présent que très rarement assisté personnellement aux séances pratiques en raison d’un manque de temps. Je le ferai donc l’année prochaine et en profiterai pour souligner les liens avec mon cours théorique, ce qui est plus difficile à faire pour mon assistant et le chercheur (Mme Annick WILMOTTE) en charge de ces travaux pratiques (puisque ils n’assistent pas à mes cours). Par contre, le manque de synchronisation est très difficile à résoudre car les dates des séances pratiques et théoriques répondent à des impératifs contradictoires, liés respectivement à l’avancement de la saison et à la disponibilité des collègues assurant les autres partim, avec pour conséquence des séances pratiques sur des organismes non encore abordés au cours théorique. J’en discuterai avec mes collègues et assistants, mais je vois peu de possibilités d’amélioration.

6.3.3. Bioinformatique

Déjà abordé à la **SECTION 3.2**, ce cours est le « vaisseau amiral » de mes enseignements. Introduit au programme du M1 BBMC lors de mon recrutement, il me sert à appâter (avec plus ou moins de succès) les étudiants vers la finalité spécialisée en « *Bioinformatique et Modélisation* ». Le taux de réponse est nettement meilleur pour ce cours que pour le précédent, puisque 17 étudiants sur 24 ont répondu à l’enquête pédagogique. Cet enseignement n’ayant pas de travaux pratiques, je ne discuterai pas de leur évaluation, quoiqu’environ la moitié des étudiants n’aient pas choisi la case « sans objet » pour les items du formulaire correspondant. Faisant l’hypothèse qu’ils ne sont pas stupides, je suppose que c’est là leur façon de donner leur opinion sur les multiples activités d’apprentissage saupoudrées entre les exposés *ex cathedra* (cf. **SECTION 6.2**).

Pour ce qui est de l’évaluation du cours théorique, les moyennes sont à nouveau entre 5 et 6 et je ne vois pas grand-chose à souligner davantage. Quant à l’examen écrit, il est aussi très apprécié. J’en profite donc pour en dire un mot ici. Ma philosophie actuelle (que j’applique aussi pour mon cours de « *Méthodes de phylogénie* » est de poser quatre questions de pondération égale : une question théorique, une question théorique avec support illustratif (= compléter ou expliquer une figure), une question à la frontière théorie/application et un exercice d’application pure. Parmi ces quatre questions, deux sont toujours extraites d’un *pool* de questions déjà sorties les sessions précédentes (= tuyaux). En préparant ces questions, les étudiants s’assurent donc en principe 10/20 à l’examen. Cela me permet alors d’être plus pointu dans les deux autres questions, inédites mais qui seront versées au *pool* pour les sessions suivantes. Un exemple de questionnaire avec grille de correction et réponses types est proposé à la **SECTION 6.2**.

6.3.4. Compléments de microbiologie : Protistologie

Ce cours est celui qui fait l'objet de la **SECTION 6.1** et pour lequel des exemples de réalisations étudiantes sont présentés à la **SECTION 7.4**. Sur les dix étudiants de M1 BBCM du module « *Microbiologie et Immunologie* » l'ayant suivi en 2012–2013, huit ont rempli les formulaires d'enquête. Là, les scores de satisfaction sont carrément « staliniens », avec presque tous les items à 5,5–6, que ce soit pour le cours théorique (et ses activités d'apprentissage variées) ou l'évaluation (60% travaux créatifs, 10% résumé et 30% examen oral).

Paradoxalement, un des seuls items en retrait est « *vous avez fait des progrès en méthodes* » (5–5,5). A nouveau, je suis (un peu) déçu de ce résultat, dans la mesure où mes objectifs méthodologiques sont très explicites (cf. **SECTIONS 2.2 ET 6.1**). L'explication est peut-être à rechercher dans le fait que ce cours ayant été transféré du BAC3 BIO au M1 BBMC l'année dernière (avec augmentation du volume horaire), il a en fait été dispensé à cheval sur deux années académiques : 5 séances en 2011–2012 (avant le travail de réflexion mené avec l'IFRES) et 5 séances en 2012–2013. Il est donc possible que cette configuration ait perturbé la bonne compréhension de mes objectifs.

Cette année, il est dispensé dans sa forme complète (10 séances réparties sur environ 6 semaines). La formule a l'air de bien fonctionner (je viens de donner la septième), mais impose aux étudiants un rythme de production (résumés et travaux créatifs) très soutenu qui serait probablement critiqué dans une prochaine évaluation pédagogique. En fait, l'idéal serait de dispenser un maximum d'une séance par semaine, mais l'horaire actuel ne le permet pas.

7. Annexes

7.1. Extrait de ma candidature à la charge de « *Phylogénomique des Eucaryotes* »

Obj. 5. To Train Biologists of the 21st Century in Bioinformatics

Ten years after the completion of the initial draft of the human genome — see *Nature's* special issue at <http://www.nature.com/news/specials/humangenome/> — high-throughput technologies generate raw data at such a pace that biologists in charge of downstream analyses are completely overwhelmed. In this context, competitive research groups are those that manage to assemble teams combining scientists with complementary backgrounds, such as molecular biology and bioinformatics. Since expert bioinformaticians are rare, it is critical for a modern and ambitious university to actively train its biology students in bioinformatics. After my Ph.D. in molecular genetics [116-121], I had the opportunity to study comparative genomics [122-124], phylogenetics [66, 75, 88, 93] and bioinformatics [125-127] in three leading international laboratories featuring strong computational components (Prof. Mark A. Ragan at the University of Queensland, Prof. Hervé Philippe at the Université de Montréal, and Prof. Michel Georges at the Université de Liège). I thus benefit from a unique perspective that should help me to play a key role in student training. As learning bioinformatics requires to get trained in at least two distinct domains (i.e., biology, computer science, mathematics and/or statistics), undergraduate biologists will need more than a few courses to become expert bioinformaticians. Instead, an adequate training may be achieved through co-supervised M.Sc. or Ph.D. projects associating experimental and computational approaches. As shown in my resume, I have the necessary expertise and the willingness to actively contribute to such a collaborative training of next-generation biologists.

7.2. Extrait du Plan Stratégique 2012–2017 du Département des Sciences de la Vie

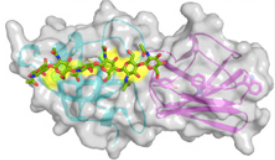
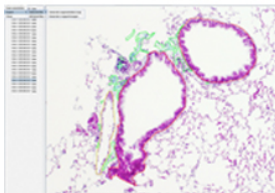
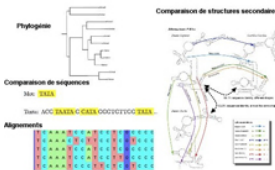
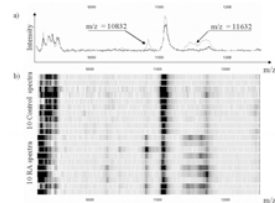
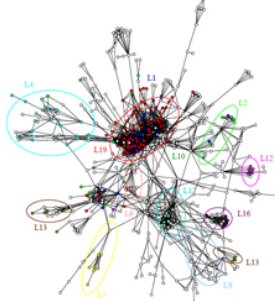
Pole bioinformatique

De nos jours, de nombreuses études en biologie moléculaire au sens large requièrent une importante part d'analyse informatique de données. Les bioinformaticiens interviennent à la fois en amont et en aval des approches moléculaires pour concevoir un plan d'expérimentation statistiquement solide ou pour générer de nouvelles hypothèses à partir de données à haut débit (= Omics), hypothèses qui pourront ensuite être vérifiées au laboratoire. Cette tendance surtout liée aux évolutions technologiques qui permettent de produire toujours plus de données, fait que de nombreux projets sont retardés en raison du manque de personnel scientifique capable d'exploiter les données générées (voir <http://www.nature.com/news/specials/humangenome/> : « The Human Genome at Ten »). A brève échéance, les départements de recherche compétitifs seront ceux qui parviendront à créer des synergies étroites entre pôles de recherche complémentaires (biologie moléculaire et bioinformatique). Déjà conscient de l'importance d'une formation de qualité dans ce domaine, le département a décidé de proposer une finalité spécialisée en Bioinformatique et modélisation en 2ème année du Master BBMC. En pratique, cette finalité propose notamment des cours d'algorithmique et de programmation conçus tout spécialement pour nos étudiants et qui leur permettront de dépasser le stade de la simple bureautique. Pour capitaliser efficacement sur ces efforts de réorganisation, il faudra que le département investisse rapidement pour le développement d'une compétence plus large en bioinformatique à destination de ses étudiants et chercheurs déjà installés et à venir. Idéalement, cette infrastructure devra disposer de ses propres machines (ex. serveurs de calcul, de stockage et de bases de données), ainsi que d'un minimum de personnel qualifié pour en assurer la mise en place, le développement et l'exploitation quotidienne. Avec cette initiative, le département aura pour objectif de fournir les ressources informatiques, intellectuelles et de formation nécessaires à un déploiement volontariste de la bioinformatique dans ses unités de recherche. Il ne s'agira donc pas d'un service départemental auquel nos chercheurs sous-traiteraient leurs analyses, mais d'un outil de formation à l'usage efficace de la bioinformatique destiné à leur rendre le plein contrôle de leurs projets de recherche. Le DER souhaite donc la transformation d'un poste d'assistant en un poste de 1er assistant afin de parvenir à ses objectifs.

7.3. Feuille de présentation de la formation INBTBI

Annexe

Les outils de la Bioinformatique
(BIOINFORMATICS TRAINING PROGRAM)



Objectifs et Compétences

Cette formation vise l'acquisition des compétences permettant la maîtrise de base de différents outils bioinformatiques.

Les compétences enseignées vous permettront d'exercer comme bioinformaticien 'junior' au sein d'instituts de recherche ou d'entamer, convenablement outillés, une thèse de doctorat dans le secteur des Sciences de la Vie.

La formation sera axée sur la pratique, chaque stagiaire étant équipé d'un ordinateur portable sous Bio-Linux 7. Les formateurs proposeront des tutoriels à suivre individuellement. Ces séances seront régulièrement interrompues pour aborder succinctement en groupe complet les points plus théoriques. Des exercices à réaliser en séance ou à domicile seront également proposés pour fixer la matière vue. La progression de chacun sera assurée par des approches différenciées.

Description de la formation

1. Introduction, présentation des objectifs et remise à niveau des candidats

2. Bio-Linux - Une boîte à outils prête à l'emploi !

Découvrir UNIX au travers d'un Linux conçu pour les biologistes

- Se familiariser avec la ligne de commande
- Installation, configuration et prise en main de Bio-Linux 7
- Au-delà de la souris : initiation à la ligne de commande
- Caché derrière une forêt d'extensions : le fichier texte structuré
- Travailler moins pour gagner plus : la programmation "script"

3. Logique de programmation - Une tournure d'esprit à acquérir...

Apprendre les fondamentaux de la programmation

- Introduction (programme, langage, logique)
- Notions de variables, constantes, types
- Variables et constantes (déclaration, assignation, cycle de vie)
- Opérateurs
- Gestion des entrées/sorties
- Expressions booléennes
- Structures de contrôle (alternatives, boucles)
- Structures de données (tableaux indicés, tables de hachage)
- Sous-programmes (procédures, fonctions, passage de paramètres)

4. Modern Perl - Asservissez la machine !

Mettre en (bonne) pratique la logique de programmation

Apprendre à tirer parti de CPAN et de l'expressivité du langage Perl

- Variables (scalaires, tableaux indicés, tables de hachage)
- Opérateurs, expressions booléennes et structures de contrôle
- Gestion des entrées/sorties
- Expressions régulières
- Sous-programmes
- Références et structures de données multidimensionnelles
- Modules et tests unitaires
- Best of CPAN
- Perl idiomatique - TIMTOWTDI



5. R - L'analyse de données pour les nuls (et les génies)...

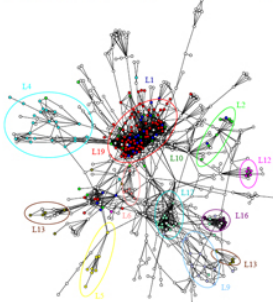
Découvrir R en révisant les statistiques de base
Aborder l'exploitation de R au travers de cas concrets



- Installation de R/Rstudio : premiers pas et visualisation de données
- Outils graphiques, statistiques descriptives et normalisation
- Exploration de jeux de données univariées et tests statistiques
- Exploration de jeux de données multivariées et tests statistiques
- Extraction de signal pour sortir du nuage : ACP et clustering
- Analyse d'un jeu de microarrays : principes généraux et exemples
- Analyse d'image en écologie marine

6. SQL - Comment trouver une anguille dans une grotte en coin ?

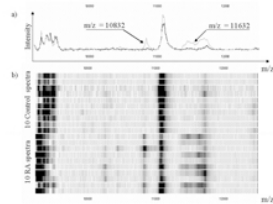
Apprendre à interroger efficacement une base de données
S'initier à la conception logique de bases de données



- Des souris et des pommes : le modèle relationnel
- En 1 mot comme en 1000 : anatomie d'une requête SELECT
- Ordonner ses idées : le modèle entité-association
- Excel aux orties : normalisation d'un schéma relationnel

7. Omics - Une avalanche de séquences : que faire dans cette galère ?

S'initier à l'analyse de données de séquençage à haut-débit
Aborder l'exploitation de ces données au travers de cas concrets



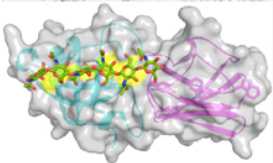
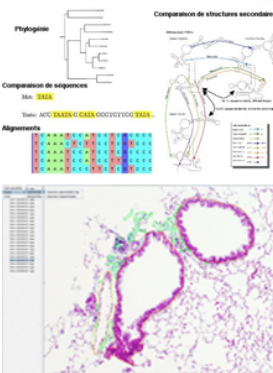
- Cartographie d'une mutation génétique à partir de séquences Illumina
- Découverte de microRNAs dans des " short reads " Illumina
- Assemblage et annotation d'un transcriptome réalisé en 454
- Etude phylogénétique de l'évolution d'une famille multigénique

8. Coaching vers l'emploi

9. Débriefing et conclusions

Durée et horaire :

184 h de cours réparties sur 23 jours de formation (8h45-17h) du 30 septembre au 19 décembre 2013 (les lundis et vendredis ainsi que quelques mercredis).



7.4. Exemples de travaux créatifs d'étudiants

Ces quatre travaux ont été produits dans le cadre du cours de « *Compléments de microbiologie : Protistologie* » et comptaient chacun pour 15% de la cote finale. Le dernier résumait les deux cours *ex cathedra* et servait de support à l'étudiant pour passer son examen oral.

Les travaux sont les suivants :

- Ligne du temps de l'évolution de la classification des protistes
(Loïc MEUNIER / M1 BBMC 2013–2014)
- Infographie de présentation de la taxonomie des parasites et de leurs hôtes
(Pauline NOIRFALISE / M1 BBMC 2012–2013)
- Arbre phylogénétique du groupe eucaryotique des Rhizaria
(Charline HOEBRECK / M1 BBMC 2012–2013)
- Carte heuristique de l'origine de la mitochondrie et du chloroplaste
(Lidvine GENET / M1 BBMC 2012–2013)

