

Nom de la discipline	Traitement du signal génomique
Domaine d'étude	Ingénierie électronique et télécommunications
Master	Traitement du signal et des images - mastère francophone
Code de la discipline	
Titulaire du cours	Conf.dr.ing. Raul Malutan
Collaborateurs	Conf.dr.ing. Raul Malutan
Département	Communications
Faculté	Electronique, Télécommunications et Technologie de l'information

Sem.	Type	Cours			Applications			Etude individuelle			TOTAL	Credits	Vérification
		[h/semaine.]			[h/semestre.]								
		S	L	P	S	L	P	S	L	P			
1	Spécialité	2	-	1	-	28	-	14	-	88	130	5	Epreuve écrite

Compétences acquises
Connaissances théoriques
♦ Biologie moléculaire ♦ Technologies de type microarray ♦ Analyse des séquences génomiques ♦ Modélisation et inférence statistique des réseaux <i>gene networks</i> ♦ Compression génomique ♦ Analyse statique pour grouper les données
Aptitudes :
A l'issue de ce cours les étudiants seront capables de : <ul style="list-style-type: none"> ■ Comprendre les aspects théoriques de la biologie moléculaire ■ Comprendre les techniques de traitement du signal et des images adaptées pour le traitement des informations génomiques ■ Concevoir et implanter des algorithmes de filtrage, segmentation et classifications des signaux et images contenant des informations génomiques ■ Analyser et interpréter statiquement les résultats obtenue
Connaissances pratiques
<ul style="list-style-type: none"> ■ modélisation mathématique et implantation pratique en Matlab et R ■ interprétation statistique des résultats

Connaissances nécessaires - connaissances acquises aux cours de Traitement du Signal et Traitement numérique des images
--

A. Cours		
1	Cours introductif: objet du cours, terminologie	2 heures
2	Biologie moléculaire – partie 1 – Gènes, la structure du ADN et ARN, l'expression génétique, l'hybridation	2 heures
3	Biologie moléculaire – partie 2 – Génome humaine, Protéines, Technologies génétiques	2 heures
4	Technologies microarray : Principe du microarray, microarray ADNc, microarray de oligonucleotides, applications pour microarrays	2 heures
5	Traitement de l'image microarray - partie 1 – méthodes de: filtrages, grillage, segmentation, quantification	2 heures
6	Traitement de l'image microarray - partie 2 – méthodes de estime la qualité des images, identification des fond, calcul numérique de l'expression génétique	2 heures
7	Prétraitement des données de microarray: transformations logarithmique, normalisations sur l'intensité, normalisation de microarray ADNc, normalisations de microarray de oligonucleotides.	2 heures
8	Traitement des données de microarray	2 heures
9	Testes statistiques pour données microarray : <i>t</i> test, Wilcoxon Rank Sum test, le model Bayesain	2 heures
10	Analyse en Composantes Principales et Analyse en Composantes Indépendantes. Méthodes de analyse pour données microarray.	2 heures
11	L'algorithmes de groupe les donnees de microarray: l'algorithme hiérarchique, l'algorithme k-means, l'analyse en Composantes Principales et l'analyse en Composantes Indépendantes.	2 heures
12	Modélisation et inférence statistique des réseaux <i>gene networks</i>	2 heures
13	Compression génomique et analyses statistiques pour des images des vecteurs	2 heures

	protéomiques	
14	Approches intégrées dans les systèmes bioinformatiques. Biochips et systèmes lab-on-a-chip (LOC)	2 heures

B1. Applications – TRAVAUX PRATIQUES (modules de 2 heures toutes les deux semaines)		
1	TP 1 – Introduction. Technologies de type microarray. Description Matlab - les boîtes d'outils Bioinformatics, Statistics.	2 heures
2	TP 2 - Prétraitement des images cDNA de microarray: filtrage, adressage global et local, segmentation, extraction des intensités	2 heures
3	TP 3 – Présentation de plateformes R et Bioconductor	2 heures
4	Lucrarea 4 – Traitement des données de microarray : normalisation, graphiques MA, comparaisons	2 heures
5	Lucrarea 5 – L'algorithmes de groupe les données de microarray	2 heures
6	Lucrarea 6 – L'algorithmes pour l'analyse en composantes indépendantes. Applications pour données microarray.	2 heures
7	Lucrarea 7 - réseaux <i>gene networks</i> . Présentation des mini projets.	2 heures
B2. Salle de TP 214 A Dorobanților 71-73		

C. Etude individuelle						
miniprojet - application en Matlab ou R						
Etude individuelle	Etude cours	Tutoriaux	TPs	Epreuve écrite	Miniprojets	Total
Temps [heures]	28	-	14	3	43	88

Références	
1. R. Malutan, M. Borda, B. Belean, <i>Traitement du signal génomique - Travaux pratiques</i> , UT Press, 2011	
2. R. Durbin, S. Eddy, A.Krogh, G. Mitchison, <i>Biological sequence analysis – Probabilistic models of proteins and nucleic acids</i> , Cambridge University Press, 2001	
3. Y. Chen, E.R. Dougherty, M.L. Bittner, P. Meltzer, and J. M. Trent, "Microarray Image Analysis and Gene Expression Ratio Statistics", <i>Computational And Statistical Approaches To Genomics</i> , eds. W. Zhang and I. Shmulevich, Kluwer Academic Publishers, New York, 2002.	
4. D. Amaratunga, J. Cabrera, <i>Exploartion and analysis of DNA microarray and protein array data</i> , Ed. Willey, New Jersey, 2004	
5. P. A. Pevzner, D Hachez, <i>Bio-Informatique Moléculaire : Une approche algorithmique</i> , Springer Editions, 2006	
6. M. Maumy-Bertrand, F. Bertrand, <i>Initiation à la statistique avec R - Cours, exemples, exercices et problèmes corrigés</i> , Dunod, 2010	
7. A. Hyvärinen, J. Karhunen, E. Oja, <i>Independent Component Analysis</i> , John Wiley & Sons, 2001	

Examination	
Mode d'examination	Epreuve écrite sans documents (2 heures)
Composantes de la note finale	Mini projet M (M); Examen (E)
Formule de calcul de la note finale	$N=0,75E+0,25M$ si $E>4$

Titulaire du cours
Conf.dr.ing Raul Malutan
