

5.00 crédits

30.0 h + 30.0 h

Q2


**Cette unité d'enseignement n'est pas accessible aux étudiants d'échange !**

Enseignants	Branders Vincent ;
Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Charleroi
Préalables	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Biologie moléculaire</li> <li>• Biochimie</li> <li>• Visualisation des données</li> <li>• Statistiques</li> </ul>
Thèmes abordés	<p>Ce cours abordera les différentes techniques d'analyse biologique qui génèrent des données à haut débit (techniques dites "omics"), telles que: séquençage de l'ADN et de l'ARN, protéomique, métabolomique... (liste non exhaustive qui sera adaptée en fonction de l'évolution rapide de ce domaine).</p> <p>Pour chaque méthode, le cours introduira:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Le principe de fonctionnement de chaque méthode (séquençage, spectrométrie de masse, etc)</li> <li>• L'analyse, le traitement et la normalisation des données brutes</li> <li>• L'interprétation et la visualisation des données.</li> <li>• Les biais et pièges liés à ces techniques (problèmes de variabilité technique et biologique, reproductibilité, design expérimental).</li> </ul> <p>Les méthodes génériques d'analyse des données biologiques seront également abordées (clustering, enrichissement, ontologies...), en lien avec le cours d'analyse de données et les cours de statistiques.</p> <p>Enfin, le cours inclura une introduction aux banques de données exploitables dans ce domaine (TCGA, GEO, Encode etc).</p>
Acquis d'apprentissage	<p><b>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• comprendre le principe de fonctionnement des méthodes omics;</li> <li>• comprendre les concepts et principes de l'analyse des données omics;</li> <li>• analyser des données omics simple;</li> <li>• comprendre et critiquer une publication présentant des données omics.</li> </ul>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants	<p>L'évaluation du cours repose sur deux composantes :</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Un examen final (écrit sur papier ou, le cas échéant, sur ordinateur), qui compte pour 80 % de la note finale.</li> <li>2. Un projet réalisé en groupe, qui compte pour 20 % de la note finale.</li> </ol> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Cette composante n'est pas notée de manière détaillée :                         <ul style="list-style-type: none"> <li>• le projet est crédité de la totalité des points (5/5) s'il est réalisé de manière sérieuse,</li> <li>• ou de 0 point en cas d'absence de travail ou de travail manifestement insuffisant.</li> </ul> </li> </ul> <p>La note de projet est définitive à l'issue du quadrimestre : il n'y a pas de possibilité de refaire le projet en seconde session.</p>
Méthodes d'enseignement	<p>Cours magistraux et travaux pratiques encadrés</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Les cours magistraux présentent les concepts fondamentaux des biotechnologies et de la bioinformatique associée</li> <li>• Les travaux pratiques sont organisés par groupes sous forme de mini-projets                         <ul style="list-style-type: none"> <li>• Chaque groupe explore un pipeline d'analyse (par ex. ceux de la communauté nf-core/Nextflow) en utilisant des jeux de données de test fournis avec les pipelines ou issus de banques publiques</li> <li>• Les étudiants doivent :                                 <ul style="list-style-type: none"> <li>• exécuter et documenter le pipeline choisi,</li> <li>• analyser ses principales étapes et sorties,</li> <li>• présenter un exposé synthétique à l'ensemble de la classe.</li> </ul> </li> </ul> </li> </ul>
Contenu	1. Introduction

	<p>2. Génomique : séquençage de l'ADN</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Principe et technologies disponibles</li> <li>• Génomes, exomes, panels</li> <li>• Analyse de données brutes             <ul style="list-style-type: none"> <li>• Alignement, génome de référence, construction d'un nouveau génome, appel de variants, contrôle de qualité, etc.</li> </ul> </li> </ul> <p>3. Transcriptomique : séquençage de l'ARN</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Principe et technologies disponibles</li> <li>• Analyse de l'expression des gènes             <ul style="list-style-type: none"> <li>• Expression différentielle</li> <li>• Analyse d'enrichissement</li> </ul> </li> <li>• Variants, isoformes, nouveaux transcrits</li> </ul> <p>4. Protéomique : séquençage des protéines</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Principe et technologies disponibles</li> <li>• Analyse de données             <ul style="list-style-type: none"> <li>• Identification de peptides et de protéines</li> <li>• Quantification</li> </ul> </li> </ul> <p>5. Bases de données biologiques</p> <p>6. Technologies émergentes</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyse single cell</li> <li>• Omique spatiale</li> </ul>
Ressources en ligne	<a href="https://moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=5853">https://moodle.uclouvain.be/course/view.php?id=5853</a>
Faculté ou entité en charge:	SINC

<b>Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)</b>				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Approfondissement en sciences du vivant et santé pour informaticiens	APPSCVS	5		