

3.0 crédits	15.0 h + 15.0 h	2q
-------------	-----------------	----

Enseignants:	Devuyst Olivier ; Vikkula Miikka ; Robert Annie (coordinateur) ; Legrand Catherine ; Persu Alexandre ;
Langue d'enseignement:	Français
Lieu du cours	Bruxelles Woluwe
Thèmes abordés :	Principaux thèmes à aborder : Rappel des principes de base en génétique et étude des effets de gènes singuliers. Analyse de lien pour traits simples par des méthodes non paramétriques. Introduction à la génomique qui porte sur les fonctions et liens entre les gènes du génome. Analyse de lien pour traits complexes par des méthodes paramétriques. Étude d'associations génétiques.
Acquis d'apprentissage	Former les étudiants aux approches épidémiologiques appliquées à la génomique humaine pour les initier aux méthodes qui permettent de déterminer si des variations génétiques humaines ont un impact direct ou indirect sur la santé ou la maladie. <i>La contribution de cette UE au développement et à la maîtrise des compétences et acquis du (des) programme(s) est accessible à la fin de cette fiche, dans la partie « Programmes/formations proposant cette unité d'enseignement (UE) ».</i>
Contenu :	Contenu - Bases de la génétique des populations : Modèle d'équilibre d'Hardy-Weinberg et vérification statistique. Méiose, mitose et structuration des populations. - Génétique quantitative: Décomposition de la variance phénotypique et variance expliquée par un locus. Héritabilité, apparenté et recherches de Quantitative Trait Locus. Analyse de ségrégation. Analyse de linkage. - Classes d'études épidémiologiques : (1) Ségrégations, Etudes d'associations basées sur les familles, (2) Etudes de prévalence, d'associations gène- ou génotype- maladie, et interactions gène- gène et gène- environnement, (3) Valeurs diagnostiques de marqueurs génétiques, (4) Intérêt de marqueurs génétiques en prévention primaire. - Génomique statistique : Cartes génétiques, LOD score, Cartes d'homozygotie, analyse d'association de traits multifactoriels (études cas seulement, cas- témoins, Disequilibrium Test TDT). - Introduction à différents logiciels de statistique génétique (S.A.G.E. et JMP Genomics de SAS). Introduction à l'analyse de données micropuces.
Autres infos :	Cours pré-requis : Biostatistique. Epidémiologie. Statistique médicale avancée Cours en relation . Logiciels de statistique et introduction à SAS Évaluation : L'évaluation comporte une partie écrite que l'étudiant réalise avec l'ordinateur, à livre ouvert, et un examen oral. Supports : Un syllabus est disponible dès le début de la formation. L'étudiant peut se procurer personnellement le logiciel S.A.G.E. mais pas JMP Genomics. Il aura accès à ce dernier dans la salle informatique d'EPID et celle de la faculté de médecine ou à l'Institut de statistique, pour autant qu'il soit inscrit au cours. Khoury M, Little J, Burke W Ed (2004) HuGE: Human Genome Epidemiology. Oxford. Elston R, Olson J, Palmer L Ed (2003) Biostatistical Genetics and Genetic Epidemiology. Wiley.
Cycle et année d'étude :	> Master [120] en sciences de la santé publique > Master [120] en sciences biomédicales > Master [60] en sciences biomédicales > Master [120] en statistiques, orientation biostatistique
Faculté ou entité en charge:	FSP