UCL Université catholique de Louvain

WESP2232

2015-2016

Epidémiologie génomique

3.0 crédits	15.0 h + 15.0 h	2q

Enseignants:	Legrand Catherine ; Persu Alexandre ; Robert Annie (coordinateur) ; Vikkula Miikka ;
Langue d'enseignement:	Français
Lieu du cours	Bruxelles Woluwe
Préalables :	WFSP2104 *Le(s) prérequis de cette Unité d'enseignement (UE) sont précisés à la fin de cette fiche, en regard des programmes/formations qui proposent cette UE.*
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. *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) ».*
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.
Faculté ou entité en charge:	FSP

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)

Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [120] en statistiques, orientation biostatistique	BSTA2M	3	-	
Master [120] en sciences de la santé publique	ESP2M	3	WFSP2104	
Master [120] en sciences biomédicales	SBIM2M	3	-	
Master [60] en sciences biomédicales	SBIM2M1	3	-	