


En raison de la crise du COVID-19, les informations ci-dessous sont susceptibles d'être modifiées, notamment celles qui concernent le mode d'enseignement (en présentiel, en distanciel ou sous un format comodal ou hybride).

3 crédits	15.0 h + 15.0 h	Q2
-----------	-----------------	----

Enseignants	Legrand Catherine ;Persu Alexandre ;Robert Annie (coordinateur(trice)) ;Vikkula Miikka ;
Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Bruxelles Woluwe
Préalables	<i>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.</i>
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	<p>1 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.</p> <p>-----</p> <p><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></p>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants	En raison de la crise du COVID-19, les informations de cette rubrique sont particulièrement susceptibles d'être modifiées. L'évaluation comporte une partie écrite que l'étudiant réalise avec l'ordinateur, à livre ouvert
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.
Ressources en ligne	Moodle
Bibliographie	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.
Autres infos	Cours pré-requis : Biostatistique. Epidémiologie. Statistique médicale avancée Cours en relation . Logiciels de statistique et introduction à SAS . 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.
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 sciences de la santé publique	ESP2M	3	WFSP2104	
Master [120] en statistique, orientation biostatistiques	BSTA2M	3		