

5.00 crédits

30.0 h + 30.0 h

Q2

**Cette unité d'enseignement n'est pas dispensée cette année académique !**

Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Charleroi
Préalables	<ul style="list-style-type: none"> • Biologie moléculaire • Biochimie • Visualisation des données • Statistiques
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"> • Le principe de fonctionnement de chaque méthode (séquençage, spectrométrie de masse, etc) • L'analyse, le traitement et la normalisation des données brutes • L'interprétation et la visualisation des données. • Les biais et pièges liés à ces techniques (problèmes de variabilité technique et biologique, reproductibilité, design expérimental). <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>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Comprendre le principe de fonctionnement des méthodes omics • Comprendre les concepts et principes de l'analyse des données omics • Analyser des données omics simple • Comprendre et critiquer une publication présentant des données omics
Contenu	<ol style="list-style-type: none"> 1. Introduction 2. Séquençage de l'ADN (genomics) Principe et technologies disponibles Génome, exome, panel Analyse des données brutes (alignement, génome de référence, construction d'un nouveau génome, appel de variants, contrôles de qualité...) Interprétation 3. Séquençage de l'ARN (transtriptomics) Principe et technologies Analyse de l'expression des gènes Variants, fusions, nouveaux transcrits "Single cell sequencing" 4. Protéomique Spectrométrie de masse, principe et technologies Analyse des données (identification de peptides et des protéines, quantification) Interprétation des données 5. Métabolomique 6. Autres techniques à haut débit Cytométrie de flux Microscopie 7. Exploitation de banques de données et d'outils d'interprétation des résultats
Faculté ou entité en charge:	EPL

Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Bachelier en sciences informatiques	SINC1BA	5		