

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> <p><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></p>  |
| 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>La note du cours se répartit comme suit :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 25% pour l'évaluation continue,</li> <li>• 75% pour l'examen final</li> </ul> <p>L'évaluation continue comporte des travaux/devoirs, qui donneront lieu à une note globale unique, communiquée à la fin du dernier travail/devoir. Le non-respect des consignes méthodologiques définies sur moodle, notamment en matière d'utilisation de ressources en ligne ou de collaboration entre <a href="http://etudiant.es">étudiant.es</a>, pour tout travail/devoir entraînera une note globale de 0 pour l'évaluation continue.</p> <p>La note des travaux pratiques est définitive à l'issue du quadrimestre : il n'y a pas de possibilité de refaire ces travaux pratiques en seconde session.</p> <p>L'examen final est, par défaut, un écrit (sur papier ou, le cas échéant, sur ordinateur).</p>  |
| Méthodes d'enseignement                     | <p>Cours magistraux et travaux pratiques encadrés</p> <p>1. Des travaux pratiques sont réalisés par groupes pour exploiter des banques de données et utiliser des outils d'interprétation de résultats</p>  |
| Contenu                                     | <p>1. Introduction</p> <p>2. Séquençage de l'ADN (genomics)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Principe et technologies disponibles</li> <li>• Génome, exome, panel</li> </ul>  |

|                              |   |
|------------------------------|---|
|                              | <ul style="list-style-type: none"><li>• Analyse des données brutes (alignement, génome de référence, construction d'un nouveau génome, appel de variants, contrôles de qualité...)</li><li>• Interprétation</li></ul> <p>3. Séquençage de l'ARN (transcriptomics)</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Principe et technologies</li><li>• Analyse de l'expression des gènes</li><li>• Variants, fusions, nouveaux transcrits</li></ul> <p>4. Protéomique</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Spectrométrie de masse, principe et technologies</li><li>• Analyse des données (identification de peptides et des protéines, quantification)</li><li>• Interprétation des données</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  |
| Bachelier en sciences informatiques                                      | SINC1BA | 5       | LSINC1231 ET LSINC1211 |  |