

| | | |
|--------------|----------------|----|
| 4.00 crédits | 15.0 h + 5.0 h | Q2 |
|--------------|----------------|----|

| | |
|---|--|
| Enseignants | Symul Laura ; |
| Langue d'enseignement | Français |
| Lieu du cours | Louvain-la-Neuve |
| Préalables | Concepts et outils équivalents à ceux enseignés dans les UEs LSTAT2020 Logiciels et programmation statistique de base LSTAT2110 Analyse des données |
| Thèmes abordés | <ul style="list-style-type: none"> • La normalisation de données omics (que ce soit génomiques ou métabolomique) • Les méthodes mathématiques et statistiques pour le prétraitement de données spectrales (ex : modèles semi-paramétrique de lissage pour correction de ligne de base, alignement de pics) • L'organisation d'expériences pour analyser la qualité informatique de données omics et leur analyse par modèles à composantes de variance, méthodes de classification et méthodes multivariées telles • ASCA, ANOVA-PCA • La modélisation de données de grande dimension dans un but de recherche de biomarqueurs ou de prédiction par modèle PLS, O-PLS, ICA, arbres de décision • Les méthodes pour tests multiples (FDR) • Les méthodes d'intégration de données (analyse de données multitableaux) • Revue et utilisation des packages R les plus courants dans le domaine (ex : bioconductor) • Application sur des bases de données réelles. |
| Acquis d'apprentissage | <p>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</p> <p>Eu égard au référentiel AA du programme « Le master en statistique, orientation biostatistique », cette activité permet aux étudiants de maîtriser</p> <ul style="list-style-type: none"> • De manière prioritaire les AA suivants: 1.4, 2.2, 2.5, 2.6, 3.1, 3.2, 3.3, 3.4, 3.5, 4.5, 5.1, 5.2, 5.6 • De manière secondaire les AA suivants: 4.1, 5.7 <p>1</p> <p>Eu égard au référentiel AA du programme de « Le master en statistique, orientation générale », cette activité permet aux étudiants de maîtriser</p> <ul style="list-style-type: none"> • De manière prioritaire les AA suivants : 1.3, 1.4, 2.2, 2.4, 2.5, 2.6, 3.1, 3.2, 3.3, 3.4, 5.1, 5.5, 5.6 • De manière secondaire les AA suivants : 1.2, 1.5, 4.1 |
| Modes d'évaluation des acquis des étudiants | <p>Dans le cadre de ce cours, les étudiant-es sont évalué-es de deux manières :</p> <ul style="list-style-type: none"> • l'évaluation continue certificative incluant: <ul style="list-style-type: none"> • des travaux obligatoires à remettre en cours de quadrimestre selon un calendrier fixé en début de quadrimestre (40% de la note finale) • et un projet final à présenter oralement lors du dernier cours (40% de la note finale) • un examen oral à livre ouvert (20% de la note finale) <p>Une note globale de 10/20 ou plus ne sera acquise que si l'étudiant a obtenu pour chaque travail ou partie de l'évaluation une note individuelle de minimum 8/20.</p> |
| Méthodes d'enseignement | <p>Le cours est composé d'une série d'activité qui amènent l'étudiant à se plonger activement dans le monde des données -omiques. Il propose:</p> <ul style="list-style-type: none"> • des exposées par des spécialistes actifs dans le domaine, • des mini-projets de traitement de données à réaliser chaque semaine, • un travail interactif sur ordinateur durant le cours, • une visite de laboratoire, • un projet final sur des données proposées par les différents intervenants du cours ou de data repositories. <p>Les modalités prévues évolueront en fonction de la situation sanitaire.</p> |
| Contenu | <p>Après avoir revu les bases de la biologie moléculaire, le cours présente une série de méthodes -omiques et surtout les méthodes de traitement de données liées:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Bases de biologie moléculaire. |

| | |
|------------------------------|---|
| | <ul style="list-style-type: none"> • Révision de méthodes multivariées utiles en méthodes -omiques (PCA, Clustering...) et application en R + RMarkdown. • Méthode d'acquisition de données de transcriptomique (micro-damiers, q-PCR, RNA-Seq...). • Prétraitement et analyse de données transcriptomiques (correction de background, normalisation,... + tests d'hypothèses avec correction de multiplicité). • Utilisation de modèle de prédiction et classification émanant de la chimiontrie et du machine learning pour l'analyse de données omique (PLS, O-PLS, arbres...). • Acquisition et traitement de données protéomiques. • Acquisition et traitement de données métabolomiques (dont prétraitement détaillé de données 1H-NMR). • Traitement de données métagénomiques. |
| Ressources en ligne | Site Moodle: https://moodleucl.uclouvain.be/course/view.php?id=10846 |
| Faculté ou entité en charge: | LSBA |

| Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE) | | | | |
|---|---------|---------|-----------|---|
| Intitulé du programme | Sigle | Crédits | Prérequis | Acquis d'apprentissage |
| Master [120] en science des données, orientation statistique | DATS2M | 4 | |  |
| Master [120] en statistique, orientation biostatistiques | BSTA2M | 4 | |  |
| Master [120] en statistique, orientation générale | STAT2M | 4 | |  |
| Master [120] : bioingénieur en chimie et bioindustries | BIRC2M | 5 | |  |
| Certificat d'université : Statistique et science des données (15/30 crédits) | STAT2FC | 4 | |  |
| Master [120] : bioingénieur en sciences agronomiques | BIRA2M | 4 | |  |