

<b>XMS2BU230</b>	<b>BA-Omics 2-1 : Analyse de données en Génomique</b>
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	2
Responsable de l'UE	LE SCOUARNEC SOLENA
Volume horaire total	<b>TOTAL : 24h Répartition : CM : 5.33h TD : 0h CI : 0h TP : 18.67h EAD : 0h</b>
<b>Place de l'enseignement</b>	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M1 GP MICAS,M1 GP InnoCare,M1 GP OHNU,M1 GP I3
<b>Evaluation</b>	
Pondération pour chaque matière	BA-Omics 2-1 : Analyse de données en Génomique <b>100%</b>
Obtention de l'UE	
<b>Programme</b>	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• saura utiliser un serveur de calcul, par l'apprentissage de commandes simples en langage Bash</li> <li>• saura utiliser des outils permettant l'analyse des données brutes issues du séquençage haut-débit d'ADN</li> <li>• saura réaliser un alignement de séquences (reads) sur un génome de référence en utilisant les outils appropriés</li> <li>• saura identifier et interpréter les variations génétiques en utilisant des méthodes de détection</li> </ul>
Contenu	<p><b>Partie 1 : Génétique épidémiologique</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Etudes d'association génome entier - GWAS</li> </ul> <p><b>Partie 2 : Analyse de données génomiques à haut-débit ("NGS")</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Introduction à l'analyse bioinformatique de données NGS</li> <li>• Formats des fichiers NGS et commandes importantes en langage Bash</li> <li>• Des fichiers fastq aux fichiers VCF : Alignement, visualisation des reads et détection des variants génétiques</li> <li>• Interprétation des variants génétiques</li> <li>• Introduction aux études d'association des variants rares et aux tests d'enrichissement (burden tests)</li> </ul> <p>Etude d'association des variants rares</p>
Méthodes d'enseignement	Cours magistraux et travaux pratiques en salle informatique (analyse de données génomiques)
Langue d'enseignement	Mixte
Bibliographie	Une bibliographie mise à jour chaque année sera intégrée dans les supports de cours

<b>XMS2BU220</b>	<b>BA-Omics 2-2 : Analyse en genomique fonctionnelle</b>
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	2
Responsable de l'UE	TOUMANIANTZ GILLES POSCHMANN JEREMIE
Volume horaire total	<b>TOTAL</b> : 24h Répartition : <b>CM</b> : 5.33h <b>TD</b> : 2.67h <b>CI</b> : 0h <b>TP</b> : 16h <b>EAD</b> : 0h
<b>Place de l'enseignement</b>	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M1 GP InnoCare, M1 GP MICAS, M1 GP OHNU, M1 GP I3
<b>Evaluation</b>	
Pondération pour chaque matière	BA-Omics 2-2 : Analyse en genomique fonctionnelle <b>100%</b>
Obtention de l'UE	
<b>Programme</b>	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• saura capable de comprendre et utiliser des designs expérimentaux de protocole d'exploration du transcriptome, du protéome et métabolome.</li> <li>• saura effectuer et évaluer les analyses primaires c.a.d. conversion de données brutes, annotations, évaluation de qualité des échantillons, détermination des outliers, tester pour effet batch, spécifique à la transcriptomique, protéomique et métabolomique.</li> <li>• saura générer et évaluer des analyses de découverte sur les données (PCA, clustering, corrélations).</li> <li>• pourra juger et effectuer les analyses différentielles ainsi que les résultats obtenus.</li> <li>• saura formuler des hypothèses sur les facteurs différentiels en utilisant des méthodes d'enrichissement (Gene Ontology, Gene Set enrichment analysis, MetaboAnalyst...) et association avec des covariables (cellulaires, cliniques ...).</li> <li>• s'éveillera, par la réalisation d'exposés en groupe et en anglais, à la démarche scientifique, développera un esprit de synthèse, partagera et échangera des informations avec ses collègues, synthétisera et retransmettra les objectifs et résultats principaux extraits d'articles scientifiques.</li> <li>• saura appliquer les connaissances acquises sur les méthodes approfondies d'analyses omiques via la réalisation d'un projet pédagogique en sous-groupe sur la base de ces apprentissages.</li> </ul>
Contenu	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Cours magistraux (4 X 1H20)</b></li> <li><b>1) Introduction à l'analyse des données "omiques" :</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Introduction/rappels sur les méthodes de base d'une analyse de genomique fonctionnelle;</li> <li>• Avoir une vue d'ensemble d'un protocole d'analyse et initiation à l'exploitation des résultats attendus;</li> <li>• Établissement d'un design expérimental d'un protocole type d'exploration « omique ».</li> </ul> </li> <li><b>2) Analyse transcriptomique dite "bulk" :</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Présentation de la méthode de « Bulk RNA sequencing » et format des datas générées ;</li> <li>• Appréhender les spécificités d'analyse pour ce type de protocole et résultats attendus.</li> </ul> </li> <li><b>3) Analyse transcriptomique dite "single cell" :</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Présentation de la méthode de « single cell sequencing » et format des datas générées ;</li> <li>• Appréhender les spécificités d'analyse pour ce type de protocole et résultats attendus.</li> </ul> </li> <li><b>4) Analyses protéomique et métabolomique :</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Les différents modes d'analyses ;</li> <li>• Exploitation des résultats issus des méthodes de protéomique et de métabolomique ;</li> <li>• Initiation au traitement de ces types de données.</li> </ul> </li> <li>• <b>Travaux dirigés (2H40)</b> Présentation d'article (données multi-omiques) en fin de semestre.</li> <li>• <b>Travaux pratiques (4X4H)</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyses primaires et designs expérimentaux;</li> <li>• Analyses exploratoires et formulations d'hypothèses fonctionnelles;</li> <li>• Analyses différentielles et interprétation</li> <li>• Réalisation d'un projet en sous-groupe avec restitution.</li> </ul> </li> </ul>
Méthodes d'enseignement	Cours magistraux en présentiel / Lecture Critique d'article avec présentation orale en TD / Analyses de données en travaux pratiques (en salle informatique) avec réalisation d'un projet en sous groupe avec restitution orale.
Langue d'enseignement	Mixte

<b>XMS2BU210</b>	<b>BA-RE-Gestion des données biologiques - Web sémantique</b>
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	2
Responsable de l'UE	SKAF HALA
Volume horaire total	<b>TOTAL : 24h Répartition : CM : 8h TD : 8h CI : 0h TP : 8h EAD : 0h</b>
<b>Place de l'enseignement</b>	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M1 GP MICAS, M1 GP InnoCare, M1 GP OHNU, M1 GP I3, M1 GP M4R
<b>Evaluation</b>	
Pondération pour chaque matière	BA-RE-Gestion des données biologiques - Web sémantique <b>100%</b>
Obtention de l'UE	
<b>Programme</b>	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Abordera les données biomédicales disponibles sur le web</li> <li>• Formalisera des requêtes pour explorer ces données</li> <li>• Modélisera des connaissances médicales à l'aide de langages formels compréhensibles par la machine</li> <li>• Raisonnera de manière symbolique sur les données médicales</li> </ul>
Contenu	<p>Les enseignements relatifs à cette UE portent sur les graphes de connaissances biomédicales disponibles sur le web :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Modélisation des graphes de connaissances</li> <li>• Notions de données liées</li> <li>• Interrogation des graphes de connaissances</li> <li>• Notions d'ontologie en biomédical</li> <li>• Dédution de nouvelles connaissances</li> </ul> <p>Applications d'ontologie en biomédical</p>
Méthodes d'enseignement	<p>L'enseignement se fera sous le format cours magistral basé sur des publications scientifiques. L'enseignement se fera aussi par un partage de savoir, savoir-faire et des mises en situation lors des travaux pratiques.</p>
Langue d'enseignement	Mixte
Bibliographie	Une bibliographie mise à jour chaque année sera intégrée dans les supports de cours