

<b>Intitulé de l'UE</b>	<b>Séquençage nouvelle génération</b>
<b>Section(s)</b>	- (5 ECTS) Bachelier en Biotechnique / Cycle 1 Bloc 3 option Bioinformatique

<b>Responsable(s)</b>	<b>Heures</b>	<b>Période</b>
David COORNAERT	60	Quad 1

<b>Activités d'apprentissage</b>	<b>Heures</b>	<b>Enseignant(s)</b>
Algorithmes du séquençage haut débit	30h	David COORNAERT
Exploitation des ressources bioinformatiques	30h	David COORNAERT

<b>Prérequis</b>	<b>Corequis</b>

<b>Répartition des heures</b>
<b>Algorithmes du séquençage haut débit</b> : 10h de théorie, 20h d'exercices/laboratoires
<b>Exploitation des ressources bioinformatiques</b> : 10h de théorie, 20h d'exercices/laboratoires

<b>Langue d'enseignement</b>
<b>Algorithmes du séquençage haut débit</b> : Français
<b>Exploitation des ressources bioinformatiques</b> : Français

<b>Connaissances et compétences préalables</b>

<b>Objectifs par rapport aux acquis d'apprentissage programme (AAP)</b>
<b>Cette UE contribue au développement de la/des compétence(s) suivante(s)</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• S'engager dans une démarche de développement professionnel</li> <li>• Apporter les solutions techniques en réponse aux questionnements spécifiques dans le domaine biologique</li> <li>• Maîtriser les outils informatiques et bioinformatiques et en assurer une veille technologique</li> </ul>

<b>Acquis d'apprentissage de l'UE:</b>
capacité à définir le processus adéquat pour traiter des données NGS dans le cadre d'une recherche en particulier
aptitude à exploiter les ressources existantes pour les intégrer à un projet de recherche

## Contenu de l'AA Algorithmes du séquençage haut débit

L'avènement des nouvelles techniques de séquençage a inversé la manière dont les biologistes assemblaient les "séquences" obtenues en un tout : "le génome".

Ces nouvelles technologies ont aussi implanté le "séquençage" dans des recherches qui n'ont pas pour visée d'établir un "génom", mais plutôt par exemple d'explorer les proportions des différentes espèces dans un milieu donné (métagénomique), de comparer les niveaux d'expression des gènes (transcriptomique) entre des tissus différents, malades ou sains, après et sans traitement par exemple.

Selon la visée de la recherche particulière en question, les données de séquençage devront être utilisées différemment, nécessitant des outils informatiques algorithmiques différents, que nous allons découvrir.

## Contenu de l'AA Exploitation des ressources bioinformatiques

Le séquençage nouvelle génération (NGS) s'insinue dans tout les pans de la recherche biologique, les banques de données sont engorgées journalièrement de ce nouveau type de données dans leur différentes phases de maturation ; données brutes, filtrées, nettoyées, assemblées, corrigées.

Nous allons adresser ces questions en puisant abondamment au sein des banques afin de répéter les différentes étapes de finalisation allant des données brutes initiales pour finir par un résultat d'analyse complet : génome complet, analyse des variations dans le profil d'expression par exemple. Nous allons "rejouer" les travaux effectués lors des stages/TFEs des étudiants des années précédentes lorsque les dites données sont rendues publiques.

## Méthodes d'enseignement

**Algorithmes du séquençage haut débit** : cours magistral, travaux de groupes, approche par projets, approche par situation problème, étude de cas, utilisation de logiciels

**Exploitation des ressources bioinformatiques** : cours magistral, approche par projets, approche par situation problème, étude de cas, utilisation de logiciels

## Supports

**Algorithmes du séquençage haut débit** : copies des présentations, notes d'exercices

**Exploitation des ressources bioinformatiques** : copies des présentations, notes d'exercices

## Évaluations et pondérations

<b>Évaluation</b>	Évaluation avec notes aux AA
<b>Pondérations</b>	Algorithmes du séquençage haut débit : <b>50%</b> Exploitation des ressources bioinformatiques : <b>50%</b>
<b>Langue(s) d'évaluation</b>	Algorithmes du séquençage haut débit : Français Exploitation des ressources bioinformatiques : Français, Anglais

### Méthode d'évaluation de l'AA Algorithmes du séquençage haut débit :

examen oral avec exercice pratique

### Méthode d'évaluation de l'AA Exploitation des ressources bioinformatiques :

examen oral avec exercice pratique

Année académique : **2018 - 2019**