

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

Responsable(s)	Heures	Période
David COORNAERT	60	Quad 1

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

Prérequis	Corequis

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

Langue d'enseignement
Algorithmes du séquençage haut débit : Français
Exploitation des ressources bioinformatiques : Français

Connaissances et compétences préalables

Objectifs par rapport au référentiel de compétences ARES
Cette UE contribue au développement des compétences suivantes
<p>- Bachelier en Biotechnique :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Communiquer et informer <ul style="list-style-type: none"> ◦ Mener une discussion, argumenter et convaincre de manière constructive ◦ Utiliser le vocabulaire adéquat ◦ Présenter des prototypes de solution et d'application techniques ◦ Utiliser une langue étrangère • Collaborer à la conception, à l'amélioration et au développement de projets techniques <ul style="list-style-type: none"> ◦ Elaborer une méthodologie de travail ◦ Planifier des activités ◦ Analyser une situation donnée sous ses aspects techniques et scientifiques ◦ Rechercher et utiliser les ressources adéquates ◦ Proposer des solutions qui tiennent compte des contraintes

- S'engager dans une démarche de développement professionnel
 - Développer une pensée critique
 - Travailler tant en autonomie qu'en équipe dans le respect de la structure de l'environnement professionnel
- S'inscrire dans une démarche de respect des réglementations
 - Respecter les normes, les procédures et les codes de bonne pratique
- Apporter les solutions techniques en réponse aux questionnements spécifiques dans le domaine biologique
 - Exploiter les connaissances de base des sciences du vivant.
 - Analyser les besoins matériels et les mettre en oeuvre.
 - Préparer l'analyse et l'exploitation des résultats des dispositifs de collecte de données
- Assurer la fonctionnalité des appareillages
 - Maintenir et exploiter un réseau informatique
 - Choisir les moyens ou méthodes d'acquisition et de transmission de données adéquates

- Bachelier en Biotechnologie option bioinformatique :

- Maîtriser les outils informatiques et bioinformatiques et en assurer une veille technologique
 - Mettre en place et gérer les droits d'accès des utilisateurs sur une plateforme bioinformatique
 - Installer et mettre à jour les suites de logiciels bioinformatiques
 - Identifier les spécificités des logiciels bioinformatiques, adapter leurs paramètres et exploiter leurs fonctionnalités
 - Maintenir, répliquer, accéder aux bases de données biologiques et assurer leur sécurité

Acquis d'apprentissage spécifiques

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 "génomique", 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	
Évaluation	Évaluation avec notes aux AA
Pondérations	Algorithmes du séquençage haut débit : 50% Exploitation des ressources bioinformatiques : 50%
Langue(s) d'évaluation	Algorithmes du séquençage haut débit : Français Exploitation des ressources bioinformatiques : Français
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 : **2019 - 2020**