

<b>Intitulé de l'UE</b>	<b>Séquençage nouvelle génération 2</b>
<b>Section(s)</b>	- (5 ECTS) Master en Sciences de l'Ingénieur industriel orientation Life data technologies / Cycle 2 Bloc 1

<b>Responsable(s)</b>	<b>Heures</b>	<b>Période</b>
Vincent BRANDERS	60	Quad 2

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

<b>Prérequis</b>	<b>Corequis</b>

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

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

<b>Connaissances et compétences préalables</b>
Séquençage nouvelle génération1 et services web bioinformatique

<b>Objectifs par rapport au référentiel de compétences ARES</b>
<b>Cette UE contribue au développement des compétences suivantes</b>
<p><b>- Master en Sciences de l'ingénieur industriel :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Identifier, conceptualiser et résoudre des problèmes complexes <ul style="list-style-type: none"> <li>◦ Intégrer les savoirs scientifiques et technologiques afin de faire face à la diversité et à la complexité des problèmes rencontrés</li> <li>◦ Sélectionner et exploiter les logiciels et outils conceptuels les plus appropriés pour résoudre une tâche spécifique</li> </ul> </li> <li>• S'engager dans une démarche de développement professionnel <ul style="list-style-type: none"> <li>◦ Réaliser une veille technologique dans sa sphère d'expertise</li> </ul> </li> </ul>
<p><b>- Master en Sciences de l'ingénieur industriel en Life Data Technologies :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Comprendre l'origine des données biologiques, les méthodes d'acquisition, de transmission, de stockage et de traitement</li> </ul>

- Connaître et utiliser les méthodes de transmission des données
- Utiliser, adapter et/ou créer des outils bioinformatiques en réponse aux problèmes biologiques posés par les acteurs du domaine
- Créer et gérer des banques de données documentaires
- S'adapter aux nouvelles technologies d'avenir dans un domaine en plein essor
  - Être capable d'apprentissage, d'adaptabilité et créativité pour répondre à des besoins spécifiques
  - S'adapter aux nouvelles technologies tant dans les domaines médicaux et scientifiques qu'informatiques

**Objectifs de développement durable** (rubrique optionnelle pour l'année académique 2022-2023)

Aucun

**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 de séquençage haut débit**

Les nouvelles techniques de séquençage ont bouleversé la biologie moléculaire. Elles ont 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**

L'amplification du recours aux techniques NGS dans tous les pans de la recherche biologique aboutit à l'engorgement quotidien de ce 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 de séquençage haut débit** : cours magistral, travaux de groupes

**Exploitation des ressources bioinformatiques** : cours magistral, travaux de groupes, approche interactive, utilisation de logiciels

**Supports**

**Algorithmes de séquençage haut débit** : notes de cours, activités sur eCampus

**Exploitation des ressources bioinformatiques** : notes de cours, activités sur eCampus

**Évaluations et pondérations**

<b>Évaluation</b>	Note globale à l'UE
<b>Langue(s) d'évaluation</b>	Français
<b>Méthode d'évaluation</b>	Pondération 50% Algorithmes de séquençage haut débit et 50% Exploitation des ressources bioinformatiques  Examen oral avec exercices pratique pour les deux AA.

**Report de note d'une année à l'autre pour l'AA réussie en cas d'échec à l'UE**

Algorithmes de séquençage haut débit : **non**

Exploitation des ressources bioinformatiques : **non**

Année académique : **2022 - 2023**