



UNIVERSITÉ DE NANTES

# Descriptif de l'enseignement

Année universitaire 2017-2021

913 17 MA 2 SV UE 1196	M1BB Techno OMICS
<b>Information générale générales</b>	
Intitulé de l'unité d'enseignement	Technologies OMICS
Langue d'enseignement	Français
Lieu d'enseignement	UFR Sciences et Techniques
Niveau	master
Semestre	2
Responsable de l'unité d'enseignement	CARIO-TOUMANIANTZ CHRYSTELLE TOUMANIANTZ GILLES
<b>Place de l'enseignement</b>	
Unité(s) d'enseignement pré-requise(s)	<b>Unités d'enseignement de Biologie Moléculaire et de biochimie niveau Licence</b>
Parcours d'études comprenant l'unité d'enseignement	M1 Bioinformatique/Biostatistique
<b>Programme</b>	

<p>Objectifs</p>	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant</p> <p>1) devra identifier et décrire les technologies méthologiques à haut et très-haut débit permettant d'obtenir des données analysables par les outils bioinformatiques : Next-Generation QPCR, Next-Generation Sequencing (DNaseq, RNA-Seq, ChIP-Seq), les différentes Micro-Arrays, et Chip-Chip, techniques de protéomique.</p> <p>2) sera initié aux stratégies de base de l'analyse de données omics et saura répertorier les différentes approches expérimentales ou prédictives pour donner du sens à ces données : méthodes de classement, Gene Ontology, recherche/identification de promoteur, recherche de mécanismes régulateurs.</p> <p>3) comprendra les principes de base de génétique humaine (modes de transmission, différents types de variations du génome humain), et sera initié aux méthodes d'identification de facteurs génétiques associés aux maladies rares et communes.</p> <p>4) saura consulter les banques et bases de données qu'un biologiste utilise quotidiennement, sera sensibilisé aux limites de ces outils et développera un sens critique sur les résultats prédictifs obtenus à travers des séances de travaux pratiques.</p> <p>5) 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. Il s'entraînera à la diffusion de connaissances en langue anglaise.</p>
<p>Contenu</p>	<p><b>CM Génomique (10h40)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Introduction/historique des connaissances sur les génomes et méthodes d'analyse</li> <li>- QPCR et Next-generation QPCR</li> <li>- Techniques de séquençage haut et très haut-débit : 1ère, 2nd et 3ème génération <ul style="list-style-type: none"> <li>- RNA-seq, Chip-seq</li> <li>- Techniques d'hybridation à haut et très-haut débit : les microarrays</li> </ul> </li> <li>- Stratégies d'analyse des résultats issus des technologies haut et très haut débit : gene ontology, méthodes de regroupement, recherche de promoteurs, validation des cibles, création de réseaux d'interaction, représentations graphiques.</li> </ul> <p><b>CM Protéomique (5h20)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• introduction/rappels sur les méthodes de base d'analyse des protéines</li> <li>- Les différents modes d'analyses <ul style="list-style-type: none"> <li>=&gt; Electrophorèse bidimensionnelle</li> <li>=&gt; Spectrométrie de masse (MaldiTof ou tandem MS/MS)</li> <li>=&gt; Analyse Seldi</li> <li>=&gt; Puces à protéines et anticorps</li> <li>=&gt; RMN pour validation de cibles</li> </ul> </li> <li>- initiation à l'exploitation des résultats issus des méthodes de protéomique</li> <li>- Notions de réseaux d'interaction</li> </ul> <p><b>Génétique (8h)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Concepts de base en génétique humaine : définitions, modes de transmission, variation du génome humain <ul style="list-style-type: none"> <li>- Méthodes d'identification de gènes morbides (cytogénétique, analyse de liaison, séquençage de génome/exome, GWAS) pour les maladies monogéniques/complexes</li> <li>- Epidémiologie génétique: test d'association des variants communs et des variants rares</li> </ul> </li> </ul>

Méthodes d'enseignement	<ul style="list-style-type: none"> <li>• interactive dans les cours</li> <li>• Pédagogie inversée via la recherche, préparation, présentation de thèmes stratégiques et complémentaires du cours par les étudiants</li> <li>• Pratique par la manipulation des outils informatiques et la consultation de bases de données spécialisées</li> </ul>
Volume horaire total	<b>TOTAL</b> : 36h Répartition : <b>CM</b> : 24h <b>TP</b> : 6h <b>TD</b> : 6h <b>CI</b> : 0h
Enseignement à distance	oui (4h)
Bibliographie	
<b>Evaluation</b>	
Construction de la note	CC sur les cours, note de présentation orale, exercices en distanciel

<b>913 17 MA 2 SV EC 1096</b>	<b>M1 BS Technologies Omics</b>
<b>Information générale générales</b>	
Intitulé de l'unité d'enseignement	Technologies Omics
Langue d'enseignement	Français
Lieu d'enseignement	UFR des Sciences et des Techniques
Niveau	master
Semestre	2
Responsable de l'unité d'enseignement	CARIO-TOUMANIANTZ CHRYSTELLE TOUMANIANTZ GILLES
<b>Place de l'enseignement</b>	
Unité(s) d'enseignement pré-requis(s)	<b>Unités d'enseignement de Biologie Moléculaire et de biochimie niveau Licence</b>
Parcours d'études comprenant l'unité d'enseignement	
<b>Programme</b>	

<p>Objectifs</p>	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant</p> <p>1) devra identifier et décrire les technologies méthologiques à haut et très-haut débit permettant d'obtenir des données analysables par les outils bioinformatiques : Next-Generation QPCR, Next-Generation Sequencing (DNaseq, RNA-Seq, ChIP-Seq), les différentes Micro-Arrays, et Chip-Chip, techniques de protéomique.</p> <p>2) sera initié aux stratégies de base de l'analyse de données omics et saura répertorier les différentes approches expérimentales ou prédictives pour donner du sens à ces données : méthodes de classement, Gene Ontology, recherche/identification de promoteur, recherche de mécanismes régulateurs.</p> <p>3) comprendra les principes de base de génétique humaine (modes de transmission, différents types de variations du génome humain), et sera initié aux méthodes d'identification de facteurs génétiques associés aux maladies rares et communes.</p> <p>4) saura consulter les banques et bases de données qu'un biologiste utilise quotidiennement, sera sensibilisé aux limites de ces outils et développera un sens critique sur les résultats prédictifs obtenus à travers des séances de travaux pratiques.</p> <p>5) 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. Il s'entraînera à la diffusion de connaissances en langue anglaise.</p>
<p>Contenu</p>	<p><b>CM Génomique (10h40)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Introduction/historique des connaissances sur les génomes et méthodes d'analyse</li> <li>- QPCR et Next-generation QPCR</li> <li>- Techniques de séquençage haut et très haut-débit : 1ère, 2nd et 3ème génération <ul style="list-style-type: none"> <li>- RNA-seq, Chip-seq</li> <li>- Techniques d'hybridation à haut et très-haut débit : les microarrays</li> </ul> </li> <li>- Stratégies d'analyse des résultats issus des technologies haut et très haut débit : gene ontology, méthodes de regroupement, recherche de promoteurs, validation des cibles, création de réseaux d'interaction, représentations graphiques.</li> </ul> <p><b>CM Protéomique (5h20)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• introduction/rappels sur les méthodes de base d'analyse des protéines</li> <li>- Les différents modes d'analyses <ul style="list-style-type: none"> <li>=&gt; Electrophorèse bidimensionnelle</li> <li>=&gt; Spectrométrie de masse (MaldiTof ou tandem MS/MS)</li> <li>=&gt; Analyse Seldi</li> <li>=&gt; Puces à protéines et anticorps</li> <li>=&gt; RMN pour validation de cibles</li> </ul> </li> <li>- initiation à l'exploitation des résultats issus des méthodes de protéomique</li> <li>- Notions de réseaux d'interaction</li> </ul> <p><b>Génétique (8h)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Concepts de base en génétique humaine : définitions, modes de transmission, variation du génome humain <ul style="list-style-type: none"> <li>- Méthodes d'identification de gènes morbides (cytogénétique, analyse de liaison, séquençage de génome/exome, GWAS) pour les maladies monogéniques/complexes</li> <li>- Epidémiologie génétique: test d'association des variants communs et des variants rares</li> </ul> </li> </ul>

Méthodes d'enseignement	<ul style="list-style-type: none"> <li>• interactive dans les cours</li> <li>• Pédagogie inversée via la recherche, préparation, présentation de thèmes stratégiques et complémentaires du cours par les étudiants</li> <li>• Pratique par la manipulation des outils informatiques et la consultation de bases de données spécialisées</li> </ul>
Volume horaire total	<b>TOTAL</b> : 36h Répartition : <b>CM</b> : 24h <b>TP</b> : 6h <b>TD</b> : 6h <b>CI</b> : 0h
Enseignement à distance	oui (4h)
Bibliographie	
<b>Evaluation</b>	
Construction de la note	CC sur les cours, note de présentation orale, exercices en distanciel

Dernière modification par ISABELLE BEAUDET, le 2017-03-01 21:06:53