



913 17 MA 3 INF UE 042	Bioinfo-Appli1
Information générale générales	
Intitulé de l'unité d'enseignement	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique
Langue d'enseignement	Français
Lieu d'enseignement	UFR Sciences et Techniques
Niveau	master
Semestre	3
Responsable de l'unité d'enseignement	CARIO-TOUMANIANTZ CHRYSTELLE LE SCOUARNEC SOLENA
Place de l'enseignement	
Unité(s) d'enseignement pré-requis(s)	UE Technologies Omics de M1 ou équivalent
Parcours d'études comprenant l'unité d'enseignement	M2 Bioinformatique pour les biologistes, M2 Génétique, Génomique & Biologie des Systèmes (GGBS), M2 Ingénierie bioinformatique
Programme	
Objectifs	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant identifiera et intégrera un nouveau niveau de modulation de l'expression des gènes, l'épigénétique, sous la forme de cours théoriques et de conférences scientifiques. Il saura définir et décrire :</p> <ol style="list-style-type: none">1) les processus de méthylation de l'ADN ;2) les modifications post-traductionnelles des histones ;3) les rôles des ARNs non-codants ;4) évaluer les conséquences de ces mécanismes sur l'expression des gènes et leurs implications en physiopathologie. L'étudiant saura également identifier et décrire les méthodes d'analyse des modifications épigénétiques. <p>Par la résolution de travaux pratiques, l'étudiant saura utiliser des outils permettant l'analyse des données brutes issues de différentes applications du séquençage NGS (Next-Generation Sequencing) : DNA-Seq, RNA-Seq, Methyl-Seq et/ou CHIP-Seq.</p> <p>Par la réalisation d'exposés en groupe et en anglais, l'étudiant se perfectionnera à la démarche scientifique, aiguisera ses compétences de synthèse et de sens critique, partagera et échangera des informations avec ses collègues, retransmettra les objectifs et résultats principaux extraits d'articles scientifiques. Il se perfectionnera à la diffusion de connaissance en langue anglaise.</p>

Contenu	<p>CM épigénétique (5h20)</p> <ul style="list-style-type: none"> - Introduction/histoire de l'épigénétique - les modifications de l'ADN - les modifications des histones - les ARN Non Codants : introduction - Méthodes d'analyse des modifications épigénétiques <p>Points spéciaux en épigénétique</p> <ul style="list-style-type: none"> - Les miRNA (4h) - La famille des ARN non-codants (2x1h20) <p>CM DNA-seq (2h20) CM CNV (2H) CM RNA-seq (1h20)</p> <p>TD analyses et présentations d'articles scientifiques (6H)</p> <p>TP analyses de données NGS (4x3h)</p> <p>Enseignement en distanciel : 4H</p>
Méthodes d'enseignement	<ul style="list-style-type: none"> - Interactivité dans les cours - Pédagogie inversée via la recherche, préparation, présentation de thèmes stratégiques et complémentaires du cours par les étudiants - Pratique par la manipulation des outils informatiques et la consultation de bases de données spécialisées
Volume horaire total	TOTAL : 36h Répartition : CM : 18h TP : 12h TD : 6h CI : 0h
Enseignement à distance	oui (4h)
Bibliographie	
Evaluation	
Construction de la note	<p>CC sur les cours, note de présentation orale, exercices en distanciel</p> <p>(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table.</p> <p>(2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0</p> <p>(3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.</p>

Dernière modification par ISABELLE BEAUDET, le 2017-03-16 11:23:10