

METHODES POUR L'ANALYSE DE DONNÉES GENOMIQUES

ECTS	Cours (h)	T.D. (h)	T.P. (h)	Stage (semaines)
6	16	16	28	

Mention du master transmettant la fiche UE :	BIOINFORMATIQUE
Composante de gestion de l'UE :	Département de Biologie
Responsable de l'UE :	BAILLY-BECHET Marc
Statut du responsable :	MC

PROGRAMME DE L'UNITE D'ENSEIGNEMENT :

Cette UE a pour objectif de permettre aux étudiants d'acquérir les connaissances théoriques et pratiques pour le traitement de données génomiques, et ce pour toutes les étapes allant de l'obtention des séquences brutes à leur analyse à l'échelle du génome.

Le cours se divise en trois volets.

- Les différentes technologies d'acquisition de données génomiques et transcriptomiques, ainsi que leurs biais, seront présentés en lien avec des problématiques variées. L'accent sera mis sur les nouvelles technologies de séquençage et les plate-formes associées (e.g. Illumina, Roche, 454), mais aussi des technologies très récentes (e.g. Pacbio). Ces aspects technologiques seront mis en lien avec les spécificités biologiques dépendant de la nature des organismes (procaryotes ou eucaryotes) étudiés.

- Les principaux algorithmes d'assemblage de reads ainsi que les statistiques associées aux test multiples seront présentés.

- Les méthodes d'annotation structurale (e.g. détection de gènes, d'éléments régulateurs) et fonctionnelle des génomes seront présentées

L'UE comporte deux TP long qui permettront aux étudiants de mettre en œuvre les techniques présentées en cours.

confrontera l'étudiant à deux situations classiques : i) un contexte de séquençage de novo et ii) un contexte de reséquençage avec génome de référence. Les différentes techniques mises en œuvre seront vues lors de deux séries de TP: une première série de TP sur le séquençage de novo de génome bactérien, enchaînant contrôle qualité des reads, assemblage et annotation fonctionnelle et structurelle par similarité des objets obtenus (du gène à la carte métabolique), et une deuxième série de TPs de reséquençage sur des données humaines, allant du mapping à l'analyse des polymorphismes découverts par SNP calling. A cette occasion les étudiants développeront un pipeline Galaxy pour automatiser l'analyse dans des conditions très proches du milieu professionnel.

MUTUALISATION :

Master Santé Publique en tant qu'option.

-
-