

XMS1IU720	Omics 1: Introduction aux technologies Omiques
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	1
Responsable de l'UE	CARIO-TOUMANIANTZ CHRYSTELLE LE SCOUARNEC SOLENA
Volume horaire total	<b>TOTAL</b> : 24h Répartition : <b>CM</b> : 20h <b>TD</b> : 0h <b>CI</b> : 0h <b>TP</b> : 4h <b>EAD</b> : 0h
<b>Place de l'enseignement</b>	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M1 CMD MICAS, M1 CMD InnoCare, M1 CMD OHNU, M1 CMD I3, M1 Biologie et médicaments, M1 Biologie et médicaments, M1 Biologie et médicaments, M1 Bioinformatique/Biostatistique - Mention Bioinformatique, M1 CMD M4R, M1 Biologie et médicaments
<b>Evaluation</b>	
Pondération pour chaque matière	Omics 1: Introduction aux technologies Omiques <b>100%</b>
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table ou à l'oral. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
<b>Programme</b>	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• saura énoncer les principales étapes historiques des technologies « omics » et aura identifié les enjeux majeurs et les défis des prochaines décennies en terme d'environnement, de biologie des populations et de santé humaine.</li> <li>• devra identifier et décrire les technologies à haut et très haut débit permettant d'obtenir des données analysables par les outils bioinformatiques : Next-Generation QPCR, Next-Generation Sequencing (1ère à 4ème génération, DNaseq, RNAseq), les différentes Micro-Arrays et Chip-Chip, techniques de protéomique.</li> <li>• 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.</li> </ul> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 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.</li> <li>• saura consulter les banques et bases de données qu'un biologiste utilise quotidiennement</li> </ul>
Contenu	<p><b>Cours magistraux (20h) :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Introduction/historique des connaissances sur les génomes, les enjeux et perspectives des projets « omics » actuels et des prochaines décennies</li> <li>• Technologies omiques à moyen et haut débit : Microarrays, Next-generation QPCR, Next-generation sequencing (1ère à 4ème génération, ChIP-seq, RNA-seq, single cell, spatial)</li> <li>• Stratégies d'analyse de données omiques (méthodes de clustering, GO, identifications de régions promotrices/facteurs de transcription)</li> <li>• Approches protéomiques à haut débit (électrophorèse bidimensionnelle, spectrométrie de masse, puces à protéine, single-protein) et introduction à la métabolomique</li> <li>• Variation du génome et notions de génétique humaine</li> </ul> <p><b>Travaux pratiques en salle informatique (4h) :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Bases de données omiques</li> </ul>
Méthodes d'enseignement	En présentiel + activités d'entraînement
Langue d'enseignement	Mixte
Bibliographie	La bibliographie spécifique sera proposée lors des enseignements.