



# GTPIA-Génomique Transcriptomique Protéomique & Intelligence Artificielle



Niveau d'étude  
BAC +4



ECTS  
6 crédits



Composante  
UFR Sciences  
Vie Terre  
Environnement

## Présentation

### Description

La génomique est consacrée aux techniques d'étude du génome entier, l'analyse transcriptomique aux techniques d'analyse d'ARNm et du niveau d'expression des gènes dans un tissu. La protéomique se concentre sur la composition des protéines dans un tissu et la métabolomique étudie les produits métaboliques. La plupart de ces facettes sont abordées tant d'un point de vue théorique que pratique au cours de cet UE. L'intelligence artificielle apparaît comme un outil d'aide à la décision quant on traite de « big data ». Des exemples de sa pertinence dans ce cadre-là seront proposés.

#### Programme :

##### Cours magistraux :

- Génomique : nouvelles techniques de séquençage à haut débit, détection de polymorphismes, diagnostic moléculaire des maladies
- Analyse de transcriptomique : de l'échantillon à l'analyse des données
- Protéomique : Spectrométrie de masse, électrophorèse 2-D, identification à grande échelle des protéines et de leurs modifications post-traductionnelles, protéomique quantitative
- Puces à protéine, Interactomique et Métabolomique
- Introduction à l'intelligence artificielle et ses applications dans le domaine de la Biologie Santé
- Les techniques d'immunoprécipitation de chromatine, de Re-Chip, de DNA Chip-Seq
- La lipidomique à travers la quantification d'un lipide emblématique du choc septique : le LPS

##### Travaux dirigés :



Analyse d'articles scientifiques (en petit groupe de 2 à 4 étudiants) traitant de méthodes de screening à haut débit et restitution à l'oral (présentation) de l'essentiel du message à retenir.

Analyse de métadonnées protéomiques et transcriptomiques par des logiciels informatiques *ad hoc*

Travaux pratiques :

*Analyse de profils de modifications post-traductionnelles (degré d'acétylation en fonction de différents traitements dont la Trichostatine A) des protéines cellulaires (histones et non-histones) par western-blot utilisant un anticorps primaire de révélation Pan-Lysine acétylées.*

---

## Objectifs

Analyse d'articles scientifiques ou de rapports

Maîtriser et mobiliser les concepts fondamentaux

Analyser et interpréter des données scientifiques en français et en anglais

Manipuler et suivre un protocole avec respect des règles hygiène et sécurité (western-blot,

Appliquer les concepts théoriques

Obtenir et analyser des résultats expérimentaux pour tirer des conclusions

Participation à l'analyse et l'interprétation de données expérimentales

Réaliser une synthèse en exploitant ces données en vue d'élaborer des modèles explicatifs, de concevoir de nouvelles études

---

## Heures d'enseignement

CM	Cours Magistral	22h
TD	Travaux Dirigés	16h
TP	Travaux Pratiques	12h

---

## Pré-requis obligatoires

Prérequis : REGEE-ADRE-BABIO

Connaissances concernant la régulation de l'expression génétique chez les eucaryotes, la structure et le fonctionnement des acides nucléiques, les bases du génie génétique et le clonage moléculaire, notions de bio-Informatique.



## Modalités de contrôle des connaissances

### Évaluation initiale / Session principale

Type d'évaluation	Nature de l'évaluation	Durée (en minutes)	Nombre d'épreuves	Coefficient de l'évaluation	Note éliminatoire de l'évaluation	Remarques
CC (contrôle continu)	CC : Ecrit et/ou Oral			3		
CT (contrôle terminal)	Ecrit sur table			3		Possibilité d'épreuve orale

### Seconde chance / Session de rattrapage

Type d'évaluation	Nature de l'évaluation	Durée (en minutes)	Nombre d'épreuves	Coefficient de l'évaluation	Note éliminatoire de l'évaluation	Remarques
CT (contrôle terminal)	Ecrit sur table			3		Possibilité d'épreuve orale

## Infos pratiques

### Campus

➤ Campus de Dijon