

- L'impact du séquençage haut débit -NGS- sur la médecine (Whole exome sequencing, Whole genome sequencing, RNA-seq).
- L'importance de la connaissances des bases théoriques et pratiques de la génomique et post-génomique humaine. Par l'utilisation et la compréhension des bases des données publiques en libre accès: (Ensembl, Clinvar, HGMD, dbSNP, ExAC...).
- L'Introduction aux outils bioinformatiques permettant l'analyse de séquences ADN (Analyse pratique de variants/mutations)
- Les connaissances nécessaires aux futurs praticiens leur permettant de comprendre les outils proposés des aujourd'hui au grand public comme outils de « médecine prédictive » (exemple de 23andMe), leurs potentiels avantages et limites.

Nombre d'étudiants :

Nombre optimum : **16** ; nombre maximum : **20** ; nombre minimum : 10 ; Nombre d'étudiants extérieurs (internes, étudiants en médecine dans d'autres facultés) que vous acceptez d'accueillir en plus de nos étudiants : **4**

Organisation: 30h de cours théoriques la première semaine. **30h de TD**

Comprenant **en salle multimédia** analyse d'EXOME et impact des variants.

L'analyses d'articles et mises au point par les étudiants, **1/2 journée au**

laboratoire; Travail personnel Commentaire + présentation orale d'un article par groupes de 2 étudiants (notés). **Objectifs des TD:** utiliser les connaissances acquises lors des séminaires de la semaine 1. La validation de cet enseignement sera fondée sur la présentation du commentaire d'article (50%) + examen écrit final (50%) ayant lieu le dernier jour de l'UE.