IFSBM UE "BIG DATA" 2021-21

Programme au 7/12/2020

UE #11: Cancer et génomique : Le Big Data moléculaire et son traitement

Date: 18-20 janvier 2021

Objectif: Les données NGS (Next Generation Sequencing) révolutionnent actuellement les pratiques de recherche médicale et de soin, en produisant des portraits moléculaires d'une précision inégalée. Dans cette UE dans décrirons les différents types de NGS et leurs grandes applications. Dans la phase pratique, nous implémenterons une analyse NGS (de type RNA-seq) sur des données modèles, au moyen du gestionnaire de pipeline Galaxy. Il n'y a pas de prérequis informatique. L'usage d'un ordinateur portable est indispensable.

Lieu: Gustave Roussy, Bat B2M

Responsables: Daniel GAUTHERET (Pr, Gustave Roussy), Gaelle LELANDAIS (Pr, I2BC)

	Lundi 18 janvier 2021 - Salle XX, B2M
09:00-10:30	Technologies et données omiques en cancérologie. Daniel GAUTHERET
10:45-12:15	L'analyse des altérations de nombre de copies par microarrays et NGS. Bastien JOB, Ingénieur Bioinformaticien, Gustave Roussy
13:30-17:00	TP Galaxy I: Cas d'étude RNA-seq (contrôles qualité, alignements des séquences sur le génome de référence et quantification de l'expression des gènes). Gaëlle LELANDAIS

	Mardi 19 janvier 2021 - Salle XX, B2M
09:00-12:30	TP Galaxy II : Cas d'étude RNA-seq (création d'un workflow, matrice d'expression des gènes et analyse différentielle) Gaelle LELANDAIS
13:30-15:00	Problématique et applications de la détection de variants somatiques par séquençage d'exome. D. GAUTHERET
15:15-16:45	Principes et application de l'analyse d'expression en single-cell. Bastien JOB, Ingénieur Bioinformaticien, Gustave Roussy

Mercredi 20 janvier 2021 - Salle XX, B2M
TP Galaxy: Analyse exome. Visualisation de résultats avec IGV. D. GAUTHERET

UE #12: Cancer et génomique : Big Data et modèles prédictifs

Date: 20-22 janvier 2021

Objectif: Alors que nos connaissances sur la biologie des cancers et des traitements anti-tumoraux s'améliorent très rapidement, de nouveaux challenges apparaissent en médecine personalisée. Cette UE montre comment les données moléculaires issues du NGS peuvent être exploitées pour faire face à ces défis. En utilisant les données RNAseq publiques, vous apprendrez les bases de l'apprentissage automatique: de modèles classiques ("sparse") jusqu'à la création de votre premier réseau de neurones ("deep"). Vous serez initiés aux bonnes pratiques de leur utilisation. Il n'y a pas de prérequis informatique. Une introduction au langage R est incluse lors de la premère demi journée. L'usage d'un ordinateur portable est indispensable.

Lieu: Gustave Roussy, Bat B2M

Responsables: Loïc VERLINGUE (MD, doctorant en bioinformatique, Gustave Roussy), Daniel GAUTHERET (Pr, Gustave Roussy)

		Mercredi 20 janvier 2021 - Salle XX, B2M
13	3:30-17:00	Premiers pas avec le langage R. Cours Video de G. Lelandais. Exercices corrigés par D. GAUTHERET

	Jeudi 21 janvier 2021 - Salle XX, B2M
9:00-10:00	Pourquoi utiliser les methodes d'apprentissage automatique en oncologie personalisée? Loic VERLINGUE (Gustave Roussy)
10:00-11:00	Methodes d'apprentissage automatique. Yoann PRADAT (Centrale-Supelec)
11:30-12:30	Exemple d'un projet en machine learning:
13:30-17:00	TP: Machine learning avec des données d'expression issues de TCGA. Loic VERLINGUE (Gustave Roussy) et Yoann PRADAT (Centrale-Supelec).

	Vendredi 22 janvier 2021 - Salle XX, B2M
9:00-11:00	Introduction au Deep Learning: applications en oncologie. Loic VERLINGUE (Gustave Roussy)
10:00-11:00	Introduction aux methodes de Deep Learning. Yoann PRADAT (Centrale-Supelec)
11:30-12:30	Exemple d'un projet en Deep Learning
13:30-17:00	TP: Construire son premier réseau de neurones. Loic VERLINGUE (Gustave Roussy) et Yoann PRADAT (Centrale-Supelec).