

RB 35 : Sciences fondamentales appliquées aux disciplines du vivant

- **Code apogée** : DBH1078M
- **Master de rattachement** : Biochimie
- **Responsable** : Professeur Jean-Louis BESSEREAU
- **Localisation du responsable** : Institut NeuroMyoGène, Faculté de Médecine et de Pharmacie - 8 avenue Rockefeller - 69008 LYON.
- **Modalité de contact** : jean-louis.bessereau@univ-lyon1.fr, 04 26 68 82 79
- **Conditions d'accès à l'UE** : Candidature réservée aux étudiants de deuxième année de médecine et pharmacie désireux de s'engager dans une double formation santé-sciences de type UCBL-ENS Lyon ou Ecole de l'INSERM.
- **Modalités d'examen** : La validation repose sur un contrôle continu dans chacun des 5 modules constituant cette UE, en particulier au travers de résolution d'exercices pendant les enseignements et de présentations critiques d'articles.
- **Lieu de l'enseignement et horaire**: Domaines Rockefeller et Laënnec, tous les jeudis de 13h30 à 17h30 et environ un samedi sur 2 de 9h à 12h, de septembre à mai.
- **Nombre de crédit** : 18 ECTS
- **Volume horaire** : Cours Magistraux (80 h) et Travaux Dirigés (80 h)
- **Type** : optionnelle
- **Objectif pédagogique** : Fournir un complément de formation dans des disciplines fondamentales à des étudiants en deuxième année de médecine ou de pharmacie qui souhaitent s'engager dans un double cursus santé / sciences. Cette formation leur permettra ensuite de suivre les enseignements scientifiques des cursus de type UCBL-ENS Lyon ou Ecole de l'INSERM
- **Enseignement** : Les cours contiennent des enseignements en mathématique/modélisation, physique, chimie et informatique (initiation à R) organisés en module thématiques transdisciplinaires introduits par des articles traitant de travaux en bio-santé et faisant appel à des notions de sciences fondamentales:
 - **Bloc 1: Bases d'analyse et applications à la biomécanique** : Les modèles mathématiques sont omniprésents dans les sciences du vivant. Nous débiterons avec des modèles simples, ayant des applications directes en dynamique des populations, épidémiologie, et cancérologie. Ces modèles décrivent entre autre la dynamique d'une nouvelle infection au sein d'une population, ou encore la progression d'une tumeur solide. Le point commun de ces modèles est le concept d'équation différentielle, qui relie une fonction d'intérêt et ses dérivées. Après un rappel conséquent des outils d'analyse du secondaire, on verra comment assimiler cette famille de modèles, en comprendre chacune des contributions à l'aide de nombreux exemples. En parallèle, cette approche va déboucher sur la mise en équations de systèmes physiques simples, dans le but d'étudier des problèmes de biomécanique des cellules et des tissus biologiques. La majorité des modèles seront traduits en langage de programmation au cours de TP d'informatique (avec le logiciel R), dans le but de visualiser la dynamique des modèles physiques et biologiques.
 - **Bloc 2: Du microscopique au macroscopique** : De nombreux concepts macroscopiques, tels que les grandeurs thermodynamiques ou les concepts associés aux phénomènes de diffusion, se révèlent peu intuitifs. Une description microscopique des phénomènes en permet alors une meilleure compréhension. Cette démarche sera appliquée à la description du mouvement brownien, aboutissant à une approche intuitive des phénomènes de diffusion, qui seront illustrés par des exemples empruntés au domaine du vivant. Cet enseignement s'appuiera sur des notions de probabilité et d'algèbre linéaire qui seront entièrement introduites pour l'occasion. Ces notions permettront une description des chaînes de Markov, donc de la marche aléatoire associée à l'approche microscopique du mouvement Brownien. Enfin, la programmation d'une marche aléatoire permettra à la fois aux étudiants de visualiser le phénomène, mais servira également de prétexte au travail sur un langage informatique.
 - **Bloc 3: Chimie-Biochimie** : La chimie et son champ d'application au domaine du vivant, la biochimie, sont à la base des processus physiologiques et permettent d'expliquer certaines pathologies ou le mode d'action de médicaments au niveau moléculaire. Dans cette optique, ce module vise à détailler quelques notions élémentaires de chimie (pH, substitution nucléophile, hydrophilie/lipophilie, thermodynamique...) et de biochimie (équation de Michaelis-Menten, particularités du milieu intracellulaire, fonctionnement de certaines enzymes...). Les techniques physicochimiques d'intérêt permettant d'expliquer certaines interactions entre les

petites molécules bioactives et les cibles protéiques ou des interactions protéine/protéine seront également abordées.

- **Bloc 4: Transformée de Fourier et analyse d'image:** En médecine comme en électronique et en physique, on est très souvent amené à utiliser des outils décomposant un signal pour son analyse. Un des outils mathématiques utilisées pour décomposer/recomposer un signal est la transformée de Fourier (TF). Ce concept il ouvre non seulement à une grande partie du traitement du signal et de l'image, mais il facilite aussi la compréhension des méthodes d'imagerie médicale majeures. Cet enseignement comportera un travail à la fois théorique et pratique sur le traitement d'image, ainsi que sur les notions mathématiques importantes pour comprendre la TF. Il permettra d'approfondir l'utilisation de la TF pour l'instrumentation médicale (IRM, optique, reconstruction tomographique...).
 - **Bloc 5: Données de Grande Dimension :** La recherche biomédicale fait face aujourd'hui à un déluge de données (Big Data) : données « omics » (génomique, protéomique, métabolomique, etc.), données d'imagerie, système national des données de santé, etc. Même si la richesse de ces données est incontestable, leur analyse soulève des problèmes nouveaux, dont la nature dépend à la fois du nombre n d'observations (individus) et du nombre p de caractéristiques décrivant ces individus. Le premier objectif de ce cours sera de préciser les différents types de Big Data. Nous étudierons ensuite les problèmes spécifiques soulevés par l'analyse statistique des données dites de grande dimension ($p > n$) à travers deux exemples principaux : les tests multiples et l'estimation des paramètres dans les modèles de régression (linéaire ou logistique typiquement).
-
- **Modalité d'inscription :** Inscription sur dossier après entretien avec les responsables des cursus santé-sciences:
 - **réunion d'information le 26 juin 2019** à 18h00, salle des Pas-Perdus, Bât. Rockefeller
 - envoyer lettre de motivation + relevé de notes du Bac et de PACES par mail
AVANT LE 2 JUILLET au Pr J.-L. Bessereau (jean-louis.bessereau@univ-lyon1.fr)
 - **entretiens de sélection du 5 au 10 juillet 2019**
 - inscription sur l'application informatique de la biologie humaine après décision du jury
 - **Capacité de la salle :** Nombre maximum de 20 étudiants
 - **Équipe pédagogique :** Jean-Louis Bessereau, David Amans, Vincent Calvez, Julie-Anne Chemelle, Hélène Delanoé-Ayari, Marc Leborgne, Thierry Lomberget, Olivier Meurette, Sylvain Monnier, Charlotte Rivière, Stéphanie Sentis, Raphaël Terreux