

Titre de l'UE : Biotechnologies			
EC1 : Biologie moléculaire et Bioinformatique			
Responsable d'EC : Sébastien MONCHY			
Organisation :			
Intervenants		Statut	
Sébastien MONCHY		PR ULCO	
Tristan BIARD		MC ULCO	
		CM	TD
Nombre d'heures total de l'UE		13	6
Objectifs	Acquérir une expertise dans l'analyse des données moléculaires et génomiques grâce à l'utilisation des outils de bio-informatique. L'expertise acquise permettra à l'étudiant d'être autonome dans le traitement de données, au sein des laboratoires de recherche publics ou privés ayant de plus en plus souvent recours à l'utilisation d'approches moléculaires pour l'étude et la gestion des écosystèmes naturels.		
Contenu	L'étudiant recevra une formation théorique et pratique sur l'utilisation des outils de bio-informatique existants. Il s'agira d'apprendre à utiliser et à interroger les bases de données publiques, de comprendre le principe de fonctionnement des outils de bio-informatique, de réaliser des comparaisons et des alignements de séquences nucléiques, et de construire des arbres phylogénétiques simples basés sur des données moléculaires et/ou morphologiques. Cette formation sera accompagnée de petits exercices de réflexion permettant d'appréhender de manière ludique les grands principes de la bio-informatique.		
Connaissances et compétences acquises	<p><u>Connaissances :</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Initiation aux usages et intérêts des outils de biologie moléculaire et de bio-informatique dans l'étude des écosystèmes naturels - Comprendre la structuration des bases de données et le fonctionnement des algorithmes bio-informatiques de bases - Comprendre les principes de comparaisons et d'analyse des données de séquences moléculaires - Acquérir des notions en évolution des espèces et en phylogénie / taxonomie intégrative morpho-moléculaire <p><u>Compétences :</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Apprendre à interroger une base de données (NCBI, EBI, ...) - Savoir rechercher et comparer des séquences similaires entre-elles (BLAST, Dotplot, ...) - Savoir aligner des séquences nucléiques ou protéiques (Needleman-Wunsch, Smith-Waterman, Clustal, ...) - Apprendre à construire des arbres phylogénétiques (PhyML, RaxML, R) 		