

Titre de l'UE : Biotechnologies

EC3 : Biologie moléculaire et Bioinformatique appliquées

Responsable d'EC : Sébastien MONCHY

Organisation :

| Intervenants | Statut |
|------------------|---------------|
| Sébastien MONCHY | PR ULCO |
| David HOT | Inst. Pasteur |
| Tristan BIARD | MC ULCO |
| MC BPA | MC ULCO |

| | CM | TD | TP |
|-------------------------------|----|----|----|
| Nombre d'heures total de l'UE | 17 | 2 | 6 |

Objectifs

L'UE introduira les différentes approches moléculaires et les ressources informatiques adéquates pour étudier les milieux aquatiques, du gène à la cellule, jusqu'à l'écosystème dans sa globalité. L'objectif sera d'acquérir une connaissance globale des approches « -omics » appliquées à l'étude des écosystèmes, avec un focus particulier sur les méthodes récentes de séquençage à haut débit et d'analyse in silico des grandes quantités de données moléculaires générées par ces outils.

Contenu

La formation sera structurée autour des problématiques concrètes rencontrées dans les laboratoires de recherche en matière d'identification de la biodiversité taxonomique et fonctionnelle dans les écosystèmes aquatiques. Les étudiants aborderont les différentes techniques de séquençage classique et à haut débit, leurs évolutions futures, ainsi que l'utilisation de ces outils pour valider des concepts écologiques (ex. le concept d'espèce), l'analyse du génome de cellules isolées et/ou de communautés, l'expression de gènes et la reconstruction des voies métaboliques. Ces approches seront abordées au travers d'exemples concrets sur des problématiques d'actualités telles que l'influence du réchauffement climatique et/ou des forçages anthropiques sur la diversité des espèces, la quantification de la diversité associée à la neige marine, l'identification de nouvelles espèces, de nouvelles fonctions et/ou d'interactions entre espèces. Au cours d'un TP, les étudiants apprendront à utiliser les ressources bio-informatiques indispensables au traitement des importantes quantités de données générés par ces nouvelles approches moléculaires, à partir d'exemples concrets de données de séquences recueillies récemment au laboratoire (ex. analyse metabarcoding de la diversité en Manche).

Connaissances et compétences acquises

Connaissances :

- Comprendre le principe des méthodes de séquençage classique et à haut débit
- Appréhender l'apport des approches « -omics » pour la mise en évidence de la diversité taxonomique et fonctionnelle au sein des écosystèmes marins.
- Aborder les concepts et les outils permettant l'analyse de génome, de l'expression des gènes et la reconstruction des voies métaboliques.

Compétences :

- Apprendre à interroger les bases de données publiques génériques (GenBank) et spécialisées (SILVA, PR2, KEGG)
- Apprendre à utiliser les outils de recherche de séquence et d'identification des espèces (BLAST)
- Apprendre à utiliser les ressources bio-informatiques pour l'analyse des données de séquence à haut débit à partir d'une variété de logiciel freeware ainsi qu'avec le langage R

Apprendre, pas-à-pas, à identifier dans un jeu de données de séquences environnementales la biodiversité des espèces en Manche-Mer du Nord.