

UE BIOTECHNOLOGIES	
EC1 - Biologie moléculaire et Bioinformatique	
MAJEUR	ECTS 3
Responsable d'EC : Sébastien MONCHY (PR ULCO)	
Intervenant : Sébastien MONCHY, Roxane Roquigny (MC ULCO)	
Volume horaire global de l'UE/EC : 13h CM, 6h TD, 6h TP	
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.
Organisation pédagogique	<ul style="list-style-type: none"> - CM - TD / TP en salle informatique
Connaissances et compétences acquises	<p>Connaissances :</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 <p>Compétences :</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)

Type et secteur d'activité auxquels cette EC prépare	L'étudiant acquerra une autonomie dans l'implémentation des outils moléculaires et bio-informatiques qui sont de plus en plus souvent utilisés par les laboratoires de recherche publics ou privés pour répondre aux problématiques liées à l'étude de la diversité, du fonctionnement et de la gestion des écosystèmes naturels
Modalités de contrôle des connaissances	Examen CM/TD (de 2h) sur table
Acquis et Pré-requis conseillés	Aucun
Langue de l'enseignement	Cours en Français Certains documents en Anglais
Autres informations utiles	Possibilité apporter et d'utiliser son ordinateur portable personnel en TP