

UE: Initiation à la bioinformatique

Type d'enseignement:

Cours magistraux / TD machine / travail personnel

Présentation générale:

La bioinformatique se focalise sur le développement de nouvelles approches informatiques en étroite connexion avec les données biologiques, et implique de nombreuses collaborations entre des biologistes, bioinformaticiens et informaticiens. Plus concrètement, cette discipline fournit de nouvelles méthodes de fouilles de données dans un contexte biologique pour mieux appréhender des questions scientifiques issues de la Biologie. L'aspect applicatif est un point essentiel et implique de prendre en main les différentes bases de données (NCBI par exemple) à la disposition de la communauté scientifique ainsi qu'un certain nombre d'outils de bio-analyse.

Dans ce contexte, la phylogénie moléculaire nécessite la mise en œuvre d'un certain nombre d'étapes classiques en bio analyse (interrogation de bases de données pour récupérer un jeu de données pertinents, comparaison et analyse de séquences). Elle a pour objectif la reconstruction de l'histoire évolutive des espèces par comparaison des séquences de leurs gènes ou de leurs protéines. Elle joue un rôle central pour l'étude de la biodiversité et l'analyse comparative des gènes et des génomes et permet d'appréhender de nombreuses questions biologiques telles que la détection de transfert horizontal, la construction d'arbre de la vie... Pour définir des protocoles d'analyse, cette thématique nécessite une connaissance et utilisation des banques de données et des logiciels existants sur le Web, qui permettent déjà de traiter de manière puissante les données biologiques générées par les nouvelles biotechnologies (bases de données, logiciels de traitement de séquence, outils de prédiction, logiciels statistiques).

L'UE Initiation à la bioinformatique vise à aborder le cœur de métier de la bio analyse (fouille de données dans les banques de données, alignement de séquences, phylogénie) à travers une initiation à l'utilisation de suites bioinformatiques comme EMBOSS (European Molecular Biology Open Software Suite), d'outils dédiés à l'alignement de séquences comme Blast et à la construction et comparaison d'arbre phylogénétiques (ex : phylogeny.fr).

Enseignants:

Jean Christophe Taveau et Patricia Thébault

Objectifs pédagogiques généraux:

- Acquérir les concepts et méthodologies classiques en bio analyse
- Découvrir les principales applications de la phylogénie moléculaire
- Acquérir les principes et méthodologies pour répondre à des questions biologiques en phylogénie (arbre de la vie, détection de transfert horizontal...)

Objectifs pédagogiques spécifiques:

- Savoir concevoir une analyse bioinformatique à partir de séquences génomiques ou protéomiques.
- Maîtriser les bases de données en biologie moléculaire
- Maîtriser les outils classiques de la fouille de données en bio analyse
- Savoir construire un protocole analytique à partir de l'analyse de séquences nucléiques ou protéiques.

Organisation:

- Cours magistraux (6h)
- TD machine sur ordinateur (12h)
- Séances encadrées sur projet (6h)

Travail personnel:

Développement d'un protocole analytique visant à étudier l'évolution de différentes familles de gènes bactériens.

Evaluation:

- QCM (note de contrôle continu)
- Rapport sur un projet d'analyse
- Examen final sur le cours et les TD machine