Faculté des Sciences
Aix-Marseille Université

Licence Sciences de la vie
Bioinformatique et génomique

Responsable	Descriptions	Informations
Emese MEGLECZ emese.meglecz@univ-amu.fr	Code : S01BI5E6 Nature : Domaines : Sciences et Technologies	Composante : Faculté des Sciences Nombre de crédits :

LANGUE(S) D'ENSEIGNEMENT

Français

CONTENU

Une pédagogique active via une plateforme web: http://annotathon.org/

L'équipe Bioinformatique du département a développé une méthode pédagogique pour l'enseignement de la bioinformatique en Licence. L'idée consiste à proposer aux étudiants d'annoter des séquences issues de projets métagénomiques, en utilisant une plateforme web dédiée (Annotathon). Cette plateforme offre aux étudiants un canevas d'annotation sous forme de champs à renseigner, afin de répondre aux questions :

ñ Le fragment d'ADN contient-elle une séquence codante ?

ñ Quelle est la fonction potentielle du gène ?

ñ Quelle est l'origine taxonomique de cette séquence ?

Les étudiants analysent des données réelles. L'utilisation des outils bioinformatique comme ORFfinder, BLAST, Clustal/Muscle, InterproScan, reconstructions phylogénétiques, classification par Gene Ontology sont appris pendant les travaux pratiques à la place des cours ex cathedra. Les étudiants acquièrent la maîtrise de l'interprétation des résultats des analyses et la présentation scientifique de leurs analyses.

COMPÉTENCES À ACQUÉRIR

ñ Comprendre la génétique et la génomique

ñ Utiliser l'informatique et la bioinformatique pour comprendre l'utilisation de cette discipline dans la génomique

ñ Développer un esprit critique

ñ Rédiger un rapport scientifique

MODALITÉS D'ORGANISATION

Approfondissement théorique et pratique des outils de bioinformatique fondamentaux (banques de données biologiques, délimitation d'ORF et recherche de séquences homologues) appliqués avec des protocoles détaillés sur des séquences choisies d'une part et d'autre part mise en pratique d'outils bioinformatiques (identification de domaines protéiques conservés, alignements multiples, reconstructions phylogénétiques, classification par gene Ontology, ...), et ce dans les conditions réelles. Les étudiants concevront leur propre protocole d'analyse in silico qu'ils appliqueront directement en ligne dans un environnement pédagogique. Les étudiants analyseront des séquences issues de projets métagénomiques, en utilisant une plateforme web dédiée (Annotathon). Les fiches de séquences annotées par les étudiants constituent leur rapport d'analyse.

PRÉREQUIS RECOMMANDÉS

Bioinformatique: analyse des séquences

VOLUME HORAIRE

- Volume total: 10 heures
- Cours magistraux: 10 heures

CODES APOGÉE

- SSV5U32C [ELP]
- SSV5U32T [ELP]

M3C

Aucune donnée M3C trouvée

POUR PLUS D'INFORMATIONS

Aller sur le site de l'offre de formation...

Dernière modification le 29/06/2023