Faculté des Sciences
Aix-Marseille Université

Licence Sciences de la vie
Ecogénomique

Responsable	Descriptions	Informations
Emese MEGLECZ emese.meglecz@univ-amu.fr	Code : S01BI6E16 Nature : Domaines : Sciences et Technologies	Composante : Faculté des Sciences Nombre de crédits :

LANGUE(S) D'ENSEIGNEMENT

Français

CONTENU

La recherche utilise de plus en plus les méthodes de séquençage à haut débit pour estimer la biodiversité dans différents types d'environnement (milieu aquatique, terrestre, intestin etc…). Ces méthodes permettent d'identifier la diversité génétique d'une communauté à partir d'un gène marqueur universel (c'est ce que l'on appelle le « metabarcoding »). Ces technologies sont d'une grande importance en biologie puisque la description in extenso d'assemblages d'espèces permet d'identifier des régimes alimentaires, des microbiotes, des communautés de parasites, de détecter des perturbations environnementales etc. La chute rapide des coûts du séquençage d'ADN associé à la miniaturisation des séquenceurs annoncent une démocratisation de ces approches tant dans les laboratoires que dans la vie courante.

Nous proposons dans cette unité d'initier les étudiants à cette approche de metabarcoding. Ils devront acquérir leurs propres données et être capable de les analyser. Le but est de montrer aux étudiants les avantages que présentent cette nouvelle technologie dans la connaissance et la compréhension du monde vivant, ainsi que de faire prendre conscience des limites techniques et des enjeux sociétaux de ces technologies.

Contenus :

ñ TP expérimental à la paillasse permettant aux étudiants d'acquérir des données: amplifications de barcodes par PCR, création des banques Illumina, séquençage.

ñ Traitement des données in silico : Gestions de grandes quantités des données. Contrôle de la qualité des séquences générées (reads), filtrage des artefacts et des contaminations.

ñ Analyse des résultats : Comparaison des réplicas, des échantillons. Analyses de témoins positifs pour comprendre des limites et les avantages des méthodes utilisées.

Rédaction d'un rapport sous la forme d'un article scientifique.

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 Analyse des données

MODALITÉS D'ORGANISATION

L'UE est prévue en pédagogie active : Après la présentation de la question biologique les étudiants devront travailler en petits groupes afin d'identifier les outils pertinents pour produire et analyser les données nécessaires pour répondre à la question scientifique. Ils devront ensuite présenter oralement les résultats de leur recherche au groupe entier. Le groupe suggérera enfin un protocole expérimental et un pipeline de traitement qui servira à l'acquisition et l'analyse des données. Le compte rendu final de leur travail se fera sous forme d'article scientifique avec un bonus s'il est écrit en anglais. L'évaluation s'appuiera sur les exposés oraux et les comptes rendus.

PRÉREQUIS RECOMMANDÉS

ñ Bioinformatique: analyse des séquences (S01BI3M7)

ñ Programmation

VOLUME HORAIRE

- Volume total: 50 heures
- Travaux pratiques: 50 heures

CODES APOGÉE

- SSV6U62C [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