

MASTER MICROBIOLOGIE

## PARCOURS MICROBIOLOGIE FONDAMENTALE ET APPLIQUÉE

Semestre 7

### Ecogénomique 1

#### Présentation

La microbiologie environnementale et l'écologie microbienne sont en rapide évolution, de par l'apport des nouvelles méthodes de séquençage (NGS) et d'analyse bioinformatiques et biostatistiques. Cette UE permet donc d'appréhender les différentes méthodes d'analyses de jeux de données complexes.

COURS :

- Rappels de base en bioinformatique (alignements, phylogénie moléculaire, BLAST et bases de données primaires)
- Méthodes de séquençage NGS (Illumina, PacBio, Oxford Nanopore)
- Présentations des bases de données pour l'annotation fonctionnelle et taxonomiques des microorganismes
- Aspects théoriques de l'utilisation des NGS pour la description des communautés microbiennes:
  - > Construction de banques d'acides nucléiques
  - > Multiplexage et filtrage qualité des séquences
  - > Amplicons (banques 16S rDNA) et formation d'unité écologiques (OTU)
  - > normalisation des données
  - > Intégration des métadonnées et éléments d'analyses multivariées et d'analyses en réseaux
- Introduction à la génomique (assemblage, annotations fonctionnelles), la génomique comparative (notions de pan-génomés)
- Introduction à la métagénomique et la métagénomique comparative (assemblage, binning, mapping, annotations fonctionnelles et taxonomique de fragments génomiques, visualisation)
- Etudes de cas issus de la littérature récente, présentation de grands projets de séquençage (Microbiome humain, TARA Ocean, Expedition Malaspina, etc...)

TD :

- Introduction à la bioinformatique et biostatistiques (3h):
  - > Tutoriel **UNIX**
  - > Tutoriel **R / R-Studio**
  - > Tutoriel **Python**
- Analyser un jeu de donnée amplicon d'ADNr 16S (6h):
  - > tutoriel **Mothur/Qiime** et tutoriel **Frogs**
  - > Formation d'OTU: tutoriel **Swarm, DADA2, Minimum Entropy Decomposition**
  - > Analyse supervisée de la microdiversité: tutoriel **Oligotyping**
  - > Recherche de biomarqueurs: tutoriel **LefSe**
  - > Outils statistiques: tutoriels **Phyloseq**
- Génomique microbienne (3h)
  - > Assemblage de génomes
  - > Annotations fonctionnelles
  - > Visualisation

**3 crédits ECTS**

Volume horaire

Travaux Dirigés : 7.5h

Cours Magistral : 14.5h

#### Compétences visées

- Connaître les méthodes moléculaires permettant d'étudier la structure et la dynamique des communautés microbiennes (amplicons 16S)
- Connaître les stratégies de préparation des banques d'acides nucléiques, les aspects théorique et techniques de l'utilisation des nouvelles méthodes de séquençages et leur application à l'étude des microorganismes et communautés microbiennes.
- Connaître et utiliser les principales méthodes statistiques et bioinformatiques de traitement et d'analyse des données de séquençage haut-débit, savoir manipuler ces jeux de données au moyen de logiciels et pipeline dédiés et/ou de scripts informatiques simples
- Etablir un plan expérimental et d'échantillonnage en fonction des hypothèses et des méthodes choisies.
- Acquérir un regard critique sur l'utilisation des ces méthodes au travers d'exemples pris dans la littérature récente.