Université de Bretagne Occidentale

MASTER BIOLOGIE

PARCOURS SCIENCES BIOLOGIQUES MARINES (SBM)

semestre 9 Biologie SBM

SPÉCIALITÉ "POPULATIONS"

Bioinformatique et génomique des populations

Présentation

Ce cours constitue une introduction à l'utilisation de méthodes d'analyses bioinformatiques ciblant les données génomiques. Le cours sera focalisé sur l'analyse de données permettant de répondre à des questions fondamentales en génomique des populations.

4 crédits ECTS

Volume horaire

Cours Magistral : 10h
Travaux Dirigés : 22h

Objectifs

> Utiliser les outils de bioinformatique appliqués à la génomique des populations
> Conduire une analyse statistique permettant d'étudier la diversité et la différenciation génétique des populations à partir de données issues de séquençage de nouvelle génération

Pré-requis nécessaires

> Connaissances fondamentales en biologie (biologie cellulaire, biologie moléculaire, écologie, génétique, statistiques)
> Introduction à la génétique des populations S7 (ou équivalent)
> Approches analytiques en écologie des individus et populations S8 (ou équivalent)

Compétences visées

> Utiliser et développer des outils d'analyse / modélisation dans des langages de programmation adaptés à la problématique
> Utiliser les outils de bioinformatique appliqués à la génomique des populations
> Analyser les processus moléculaires, cellulaires et physiologiques pour appréhender le fonctionnement des organismes, leur variabilité génétique et plasticité phénotypique
> Utiliser des outils permettant une recherche reproductible
> Conduire une analyse statistique de la distribution spatio-temporelle de la diversité génétique des populations
> Appliquer les méthodes quantitatives adaptées à l'analyse et la modélisation des systèmes et processus de la biologie marine aux échelles des individus, des populations, des communautés et des écosystèmes

Descriptif

Ce cours fournit des bases pratiques sur les méthodes d'analyses bioinformatiques ciblant les données génomiques individuelles et populationnelles. Le cours sera organisée autour des parties suivantes :

> Introduction sur le séquençage de nouvelle génération et les données brutes qui en résultent
> Description et utilisation de différents pipelines bioinformatiques couramment utilisés pour obtenir des SNPs (single nucleotide polymorphisms) à partir de données brutes de séquençage de nouvelle génération (données RADseq)
> Description et utilisation d'outils d'assemblage et d'annotation de mitogénomes pour des analyses comparatives
> Mise en pratique (TD) sur des jeux de données existants.

Modalités de contrôle des connaissances

Session 1 ou session unique - Contrôle de connaissances

Nature de l'enseignement	Modalité	Nature	Durée (min.)	Coefficient	Remarques
	CC	Ecrit - rapport		2/3	Rapport de travaux dirigés
	CT	Oral	30	1/3	

Session 2 : Contrôle de connaissances

Nature de l'enseignement	Modalité	Nature	Durée (min.)	Coefficient	Remarques
	CT	Ecrit - devoir maison		2/3	
	CT	Oral	30	1/3	