

TITRE DE L'ENSEIGNEMENT A CHOIX :

EC4. INTRODUCTION A LA BIOINFORMATIQUE

UE 3.1 - METHODES D'ANALYSE ET TECHNOLOGIES AVANCEES EN BIOLOGIE

BCC3 : Concevoir et appliquer une démarche expérimentale en biologie-santé.

Enseignement **Choix**

Modalité d'enseignement : **Présentiel**

Langue de l'enseignement : Français

Responsable de l'enseignement : Eléonore Durand, eleonore.durand@univ-lille.fr

volume horaire	CM	C-TD	TD	TP	A distance	Total
Heures d'enseignement encadrées	14		13			27

Prérequis(s) :

Syllabus :
L'objectif du module est de découvrir les bases de la bioinformatique à travers une alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils libres et accessibles en ligne. A l'issue de l'enseignement l'étudiant saura choisir un outil et le paramétrer pour répondre à une question dans le champ disciplinaire étudié. Description : Banques de données biologiques : interrogation, formats (FASTA, GFF, GenBank...) Alignements de séquences : paires de séquences (outils et algorithmes), multiple Recherche de similarités via BLAST Prédiction de gènes (procaryotes et eucaryotes) Analyse de séquences protéiques : fonction, domaines, localisation cellulaire
Compétences travaillées :
- Rechercher des séquences pertinentes dans les bases de données - Interpréter les structures et formats de fichiers bioinformatiques - Choisir et paramétrer un outil d'alignement en fonction du contexte biologique - Utiliser efficacement BLAST pour répondre à une problématique donnée - Mettre en œuvre une méthode de prédiction de gènes sur des génomes bactériens ou eucaryotes - Analyser une séquence protéique dans une perspective fonctionnelle

Modalités d'évaluation
Session 1 : 50% CC: interrogations + contrôle de TD terminal sur ordinateur 50 % CT: écrit sur table Session 2 : écrit sur table ou oral (suivant le nombre d'étudiants), permet de rattraper CC+CT

Descriptifs des enseignements

[illegible]