

BIGOMICS, GENOMIQUE COMPARATIVE

Code UE : HAA906V
Crédits : 2 ECTS

Semestre : 3
Heures enseignées : Cours 16.5h

RESPONSABLE(S) PEDAGOGIQUE(S)

Pascal Gantet, pascal.gantet@umontpellier.fr
Stéphanie Sidibe-Bocs, stephanie.sidibe-bocs@cirad.fr

OBJECTIFS

- Se familiariser avec les différentes formes de données brutes issues des dernières technologies de séquençage et les premières étapes de leur valorisation
- Découvrir une gamme d'applications "Omiques" diverses révélant la structure et l'évolution des génomes ainsi que leur expression et leur adaptation en utilisant des ressources et des outils standards de la discipline
- Choisir et conduire une analyse de données susceptible de révéler des facteurs génétiques d'adaptation utiles pour des caractères d'intérêt biotechnologique ou agronomique.
- Proposer un projet structuré autour d'une question de recherche accessible au moyen des données et des outils disponibles.

DESCRIPTION DU CONTENU DE L'UE

Cette UE vise à fournir une expérience d'analyse de données de génomique.

Les technologies Next Generation Sequencing (NGS) ont conduit à une production massive de données « Omiques » pour les plantes cultivées majeures, ce qui demande de nouvelles approches d'analyses haut débit. La connaissance de ces approches et des outils qui en découlent pour analyser la séquence et la structure des génomes, les annoter et caractériser leur diversité et leurs profils d'expression permet d'aborder des questions de recherche biologique avancée sur la diversité et l'adaptation des plantes. Les espèces prises en considération sont des espèces phares des instituts de recherche agronomique de Montpellier et font partie des cultures les plus importantes pour l'agriculture mondiale. Des plateformes d'outils bioinformatiques récents reposant sur des centres de calcul et de stockage haute capacité, sont en place pour analyser des jeux de données originales permettant de mieux comprendre comment les génomes de plantes évoluent et s'expriment. L'ensemble de ces connaissances Findable, Accessible, Interoperable, Reusable car intégré dans des systèmes d'information peut soutenir l'identification de gènes responsables de caractères adaptatifs ou de production. La mobilisation de jeunes chercheurs sur ces sujets est primordiale tant la demande est importante.

L'UE est structurée sous la forme de cours et de travaux tutorés avec la rencontre de généticiens et de bioinformaticiens permettant d'appréhender les formes variées des progrès en bioanalyse génomique. Elle permet d'acquérir les lignes directrices pour l'accès, l'utilisation et l'analyse de différents types de données omique (e.g. (épi)génomique, transcriptomique, protéique, métabolique) en vue d'accélérer les recherches en génomique fonctionnelle et biotechnologie des plantes.

L'évaluation sera faite sur la base de la participation et de la qualité du projet proposé par l'étudiant en fin d'UE, individuellement ou en binôme, suivant les consignes détaillées en début d'UE.

PRE-REQUIS NECESSAIRES

Niveau Master 2 en physiologie végétale et amélioration des plantes

PRE-REQUIS RECOMMANDES

- Connaissances informatiques des commandes Linux de base
- Intérêt pour l'adaptation et l'évolution des plantes cultivées