

Direction de l'enseignement supérieur

Brevet de technicien supérieur Biotechnologies

Septembre 2007

| | |
|-----------------------|--|
| Fonction | Mise en œuvre de techniques de laboratoire Participation à un système qualité |
| Activités | Mise en œuvre et exploitation d'outils bio-informatiques |
| Conditions d'exercice | <p>MOYENS ET RESSOURCES :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Formation technique préalable • Ordinateur connecté en réseau local et distant ou/et interfacé avec un automate • Logiciels « locaux » ou « en ligne » (internet) d'interrogation, de traitement ou d'archivage des données • Accès aux banques de données • Données à traiter : fichier texte (séquences nucléiques et protéiques) ou fichier image • Protocoles de traitement des données • Procédures d'archivage des données • Documentation informatique d'utilisation des logiciels et des banques <p>AUTONOMIE :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Autonomie partielle |
| Résultats attendus | <ul style="list-style-type: none"> • Participation aux choix des outils informatiques adaptés • Recherche d'informations et de données dans les banques • Organisation pertinente de la séquence de traitements de données • Respect des protocoles de traitement informatique des données • Analyse critique des résultats dans le contexte biologique de l'exploitation • Archivage des fichiers résultats |

CAPACITE: C1- Réaliser**COMPETENCE: C1-6- Mettre en œuvre des techniques en biologie moléculaire et génie génétique**

| Compétence détaillée | Données | Indicateurs de performance |
|--|--|--|
| Rechercher une séquence ou une donnée dans une banque | <ul style="list-style-type: none">- Séquence ou donnée à rechercher ou à traiter- Traitement souhaité- Protocoles- Ordinateur connecté à un réseau local ou distant | <ul style="list-style-type: none">- Choix de la banque de données ad hoc- Interrogation judicieuse de la banque- Mise en forme des données au format ad hoc |
| Analyser une séquence ou un ensemble de séquences | | <ul style="list-style-type: none">- Choix de critères simples d'utilisation du logiciel d'analyse- Enregistrement correct des résultats- Analyse et exploitation correctes des résultats du traitement informatique |
| Préparer la mise en œuvre en fonction des caractéristiques et du nombre d'échantillons à traiter | Echantillons Cellules procaryotes ou eucaryotes, virus Nombre et caractéristiques des échantillons Résultats d'une exploitation bioinformatique Protocoles Fiches techniques Fiches de données de sécurité | Choix correct des volumes à traiter ou à analyser Choix de matériel et de consommables adaptés Préparation d'un volume adéquat de solutions ou de suspensions de travail Conception correcte d'un milieu réactionnel ou d'un mélange Conservation convenable des échantillons |
| Appliquer aux acides nucléiques les protocoles adaptés | Matériel, consommables et réactifs Logiciel(s) d'exploitation et ordinateur Equipements individuels et collectifs de sécurité | <ul style="list-style-type: none">- Respect des points critiques des protocoles : durées, températures, asepsie...- Respect des contraintes de sécurité- Exécution correcte de gestes techniques adaptés : pipetage de microvolumes, précipitations et redissolutions d'acides nucléiques, isolement de clones, manipulation de support d'hybridation...- Qualité des résultats obtenus- Réponse technique adaptée aux aléas de mise en œuvre- Elimination conforme des déchets |

| | | |
|---|--|--|
| Appliquer aux cellules procaryotes, eucaryotes, et aux virus les protocoles adaptés | | -Exécution correcte des procédés de transfection -Qualité des résultats obtenus -Réponse technique adaptée aux aléas de mise en œuvre -Elimination conforme des déchets |
| Exploiter et valider les résultats | | -Exploitation correcte des résultats -Présentation correcte des résultats et conclusions |
| Conserver et stocker le matériel biologique d'intérêt | | -Stockage et conservation des molécules ou cellules d'intérêt -Stockage et conservation des réactifs |

MODULE 6 : BIOINFORMATIQUE ET INFORMATIQUE DE LABORATOIRE

L'omniprésence de l'outil informatique dans les biotechnologies impose que le futur technicien supérieur possède des savoirs et savoir faire solides dans les différentes composantes de cet outil.

Section 1 : Notions de base

L'objectif essentiel de cette section est de donner au futur technicien les bases qui lui permettront d'être un utilisateur averti.

| | |
|---|---|
| Le codage de l'information et la numérisation des données (nombres, textes, images ...) | <ul style="list-style-type: none">▪ On insistera sur le code ASCII et les fichiers ASCII, "esperanto" de la bioinformatique▪ Le principe de la numérisation des grandeurs analogiques sera dégagé simplement |
| Architecture matérielle et logicielle d'un ordinateur | <ul style="list-style-type: none">▪ On décrira simplement les principaux composants d'un ordinateur, sans rechercher l'exhaustivité, en dégageant la logique de leurs interrelations▪ On dégagera le concept de couches logicielles et les principales fonctionnalités d'un système d'exploitation▪ On décrira les opérations de bases sur un système d'exploitation, relatives à la gestion des dossiers et des fichiers |
| Les réseaux et Internet | <ul style="list-style-type: none">▪ Notions de base sur les réseaux locaux▪ Principes et opérations de base sur le réseau Internet |
| Fichiers et bases de données | <ul style="list-style-type: none">▪ Notions de base sur l'organisation et l'interrogation d'une base de données▪ On construira une base de données très simple ; on en montrera l'intérêt (notamment en bioinformatique) et on expliquera le principe d'interrogation d'une base de données relationnelle▪ Logiciels utilisables : tableur, SGBDR "hors ligne" (exemple Access) ou "en ligne" (exemple MySql) |

| | |
|---------------|---|
| Algorithmique | <ul style="list-style-type: none"> ▪ L'objectif est d'illustrer la notion d'algorithme et de montrer la démarche d'automatisation d'un traitement de données. ▪ L'apprentissage d'un langage est exclu. ▪ Les exemples seront choisis dans le champ d'application des biotechnologies. ▪ L'utilisation d'un tableur sera l'occasion privilégiée de montrer cette démarche, à travers la conception de feuilles de calcul simples. ▪ Cependant d'autres supports logiciels (HTML, traitement de séquences, robotique ...) pourront être utilisés. |
|---------------|---|

Section 2 : Recherche, traitement et présentation de l'information

Les savoir-faire de cette section seront réinvestis dans les autres modules

| | |
|--|--|
| Interrogation d'une banque de données bibliographiques | <p>Il s'agit de montrer les possibilités d'une banque de données bibliographiques et de conférer de bonnes habitudes</p> <p>Le PPE (Projet Pluritechnique Encadré) sera l'occasion pour l'étudiant d'étendre ses savoir-faire, avant son premier stage en entreprise.</p> |
| Traitement de texte | <ul style="list-style-type: none"> ▪ Commandes et savoir faire de base ▪ Guide des bonnes pratiques |
| Tableur-Graphueur | <ul style="list-style-type: none"> ▪ Commandes et fonctions usuelles ▪ Exemples d'applications en biotechnologies ▪ Conception de feuilles : en relation avec la partie algorithmique ▪ On insistera sur la présentation (notamment graphique) des données et les régressions linéaires ou non pour les traitements de résultats |
| Utilisation d'un logiciel de présentation | Commandes de base et bonnes pratiques |

Section 3 : Acquisition de données et gestion de procédés

Il s'agit pour les contenus de cette section de dégager quelques notions simples

| | |
|--|--|
| Contrôle et commandes de bioréacteurs | Analyse en ligne Boucle de rétro-contrôle. <i>Ces notions peuvent être illustrées en TP de génie fermentaire.</i> |
| Traitements et Analyses d'images : - Définitions et formats de fichiers - Logiciels de traitement (exemple) - Analyse densitométrique d'une image - Imagerie microscopique de fluorescence | Principe du traitement Utilisation d'un logiciel de traitement simple, par exemple pour quantifier un fragment de restriction sur gel d'agarose |
| Robotisation de pipetages, de dépôts, d'extractions ... | Principe de fonctionnement et démarche, sur un exemple. |

Section 4 : Bioinformatique utilisateur

La bioinformatique se définit comme l'analyse de l'information biologique, notamment à l'aide d'outils informatiques.

L'objectif est de former des utilisateurs avertis des principaux outils, dont on fera ressortir de manière simple le principe de fonctionnement.

L'enseignement des savoir et savoir-faire de cette section se fera en liaison étroite avec les modules 1 et 3.

On insistera sur la relativité des réponses apportées par la bioinformatique, la plupart du temps statistiques et fondées sur des modèles perfectibles et évolutifs. Lors des recherches et traitements des informations, on privilégiera la problématique biologique, en analysant la pertinence des requêtes effectuées et la validité des résultats obtenus.

| | |
|--|---|
| Les portails, logiciels et banques de données en bioinformatique et en génomique | - Les portails dédiés (par exemple celui d'Infobiogen) et leurs ressources - Les principales banques de séquences et leurs caractéristiques; la structure des fichiers et les formats de séquences nucléiques et protéiques - Exemples de logiciels d'aide en génie génétique (dessin d'amorces ou de sonde, cartographie de restriction, détermination de paramètres physicochimiques d'une protéine...) |
|--|---|

| | |
|--|---|
| Comparaison d'une séquence nucléique ou protéique avec une banque de séquences | <p>On utilisera un logiciel de type BLAST</p> <ul style="list-style-type: none"> - Principe sommaire de l'alignement global avec insertions - Critères permettant de valider l'analyse - Exemple d'une comparaison dans un contexte de recherche par homologies de la fonction d'un gène |
| Multi-alignements de séquences nucléiques ou protéiques | <p>On utilisera un logiciel d'alignement global</p> <p>Principe d'une matrice de substitution d'acides aminés</p> <p>L'alignement multiple pourra déboucher sur la construction d'un arbre phylogénétique</p> |
| Recherche de gènes et de séquences consensus | <p>Recherche de phases de lecture ouvertes (ORF)</p> <p>Recherche de signaux d'expression ; on montrera la difficulté de localiser les gènes</p> <p>Recherche de motifs structuraux, pouvant déboucher sur la constitution d'une famille protéique</p> |
| Analyse tridimensionnelle de biomolécules | <p>Il s'agit avant tout d'une visualisation 3D, à l'aide d'un logiciel simple tel qu'un dérivé de RasMol</p> <p>L'objectif essentiel est l'illustration et l'approfondissement des structures tridimensionnelles des protéines et des acides nucléiques, ainsi que de leurs interactions</p> |