

<b>Intitulé de l'UE</b>	<b>Projet de recherche : recueil et exploitation de données omiques</b>
<b>Section(s)</b>	- (3 ECTS) Master en Sciences de l'Ingénieur industriel orientation Life data technologies / Cycle 2 Bloc 2

Responsable(s)	Heures	Période
Renaud VAN DAMME	54	Quad 1

Activités d'apprentissage	Heures	Enseignant(s)
Computational biology project	16h	Vincent BRANDERS
Projet omique	38h	


Prérequis	Corequis

Répartition des heures
<b>Computational biology project</b> : 16h d'exercices/laboratoires
<b>Projet omique</b> : 8h de théorie, 20h d'exercices/laboratoires, 10h de travaux

Langue d'enseignement
<b>Computational biology project</b> : Anglais
<b>Projet omique</b> : Français, Anglais

Connaissances et compétences préalables
Utilisation et Administration de Unix Anglais Sequencage Nouvelle Génération, Analyse d'un génome, annotation du génome

Objectifs par rapport au référentiel de compétences ARES
<b>Cette UE contribue au développement des compétences suivantes</b>

Objectifs de développement durable
 <p><b>Energie propre et d'un coût abordable</b> Objectif 7 Garantir l'accès de tous à des services énergétiques fiables, durables et modernes, à un coût abordable</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 7.1 D'ici à 2030, garantir l'accès de tous à des services énergétiques fiables et modernes, à un coût abordable.</li> <li>• 7.2 D'ici à 2030, accroître nettement la part de l'énergie renouvelable dans le bouquet énergétique</li> </ul>

mondial.

- 7.3 D'ici à 2030, multiplier par deux le taux mondial d'amélioration de l'efficacité énergétique.
- 7.b D'ici à 2030, développer l'infrastructure et améliorer la technologie afin d'approvisionner en services énergétiques modernes et durables tous les habitants des pays en développement, en particulier des pays les moins avancés, des petits États insulaires en développement et des pays en développement sans littoral, dans le respect des programmes d'aide qui les concernent.



### Consommation et production responsables

Objectif 12 Établir des modes de consommation et de production durables

- 12.8 D'ici à 2030, faire en sorte que toutes les personnes, partout dans le monde, aient les informations et connaissances nécessaires au développement durable et à un style de vie en harmonie avec la nature.

## Acquis d'apprentissage spécifiques

Apprendre les différentes méthodes d'analyse omique (Metagenomics: targeted, untargeted assembly-free, untargeted shotgun; functional metagenomics; metatranscriptomics)

## Contenu de l'AA Computational biology project

1. Visualisation et analyse des structures biomoléculaires :
  - Utilisation de bases de données de structures comme la Protein Data Bank (PDB).
  - Comparaison de la qualité des structures expérimentales (par rayons X et RMN).
  - Visualisation des protéines et de leurs complexes avec des ligands à l'aide du logiciel PyMOL.
  - Analyse de la compacité du cœur protéique et des interactions enzyme-ligand.
2. Classification et alignement des structures protéiques :
  - Recherche de domaines protéiques et classification de protéines à partir de bases de données comme UniProt.
  - Superposition de structures et analyse des alignements par des outils bioinformatiques tels que ClustalOmega et PDBeFold.
3. Prédiction de la structure secondaire et maladies conformationnelles :
  - Comparaison de plusieurs programmes de prédiction de structures secondaires (GOR IV, HNN, Sympred).
  - Analyse de performances de ces programmes sur des exemples spécifiques et sur des protéines liées à des maladies conformationnelles.
4. Prédiction de la structure tridimensionnelle :
  - Modélisation comparative des protéines par des approches manuelles, semi-automatiques (HHPred, Modeller) et automatiques (SwissModel).
  - Reconnaissance de replis protéiques par genTHREADER.
  - Comparaison de modèles prédits, incluant un modèle généré par AlphaFold.

## Contenu de l'AA Projet omique

Apprendre les différentes méthodes d'analyse omique (Metagenomics: targeted, untargeted assembly-free, untargeted shotgun; functional metagenomics; metatranscriptomics)

Traiter, analyser et évaluer des données de séquençage targeted (16s, 18s, ITS) via des logiciels et pipelines (R, DADA2, Phyloseq)

Traiter, analyser et évaluer des données de séquençage untargeted shotgun (long-read, short-read) via des logiciels et pipelines (Flye, MUFFIN, fastqc, sickle, megahit, bowtie2, samtools, metabat2, checkM, Prokka, sourmash, etc)

Traiter, analyser et évaluer des données de séquençage untargeted assembly-free (long-read, short-read) via des logiciels et pipelines (fastqc, Kraken, R, Pavian)

Utiliser des ressources en ligne tel que Galaxy Project pour automatiser et maintenir une reproductibilité.

## Méthodes d'enseignement

**Computational biology project** : approche par projets

**Projet omique** : cours magistral, travaux de groupes, approche interactive, étude de cas, utilisation de logiciels

## Supports

**Computational biology project** : notes d'exercices, activités sur eCampus

**Projet omique** : copies des présentations, notes de cours, tuto en ligne (github et galaxyproject)

### Ressources bibliographiques de l'AA Projet omique

github training: [https://github.com/RVanDamme/Metagenomics\\_course](https://github.com/RVanDamme/Metagenomics_course)  
Core Papers: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/mgen/10.1099/mgen.0.000409>  
<https://www.nature.com/articles/nbt.3935/figures/1>  
<https://www.sciencedirect.com/topics/biochemistry-genetics-and-molecular-biology/metagenomics>  
Additional read: <https://www.nature.com/articles/nbt.3935>  
<https://www.nature.com/articles/srep01968>  
<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2021.613791/full>  
<https://academic.oup.com/bib/article/22/6/bbab330/6358409>  
<https://academic.oup.com/bib/article/21/2/584/5363831>  
<https://www.nature.com/articles/s42003-021-02510-6>  
<https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-020-03667-3>  
Tools:  
  
MUFFIN: <https://github.com/RVanDamme/MUFFIN> & <https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1008716>  
metaWRAP: <https://github.com/bxlab/metaWRAP> &  
<https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-018-0541-1>  
Flye: <https://github.com/fenderglass/Flye> & <https://www.nature.com/articles/s41592-020-00971-x>  
Kraken2: <https://github.com/DerrickWood/kraken2> & <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-019-1891-0>

### Évaluations et pondérations

<b>Évaluation</b>	Note globale à l'UE
<b>Langue(s) d'évaluation</b>	Français, Anglais
<b>Méthode d'évaluation</b>	-Projet omique  Travail continu 40%, non remédiable Présentation oral du travail de groupe 40%, rémédiable Rapport écrit du travail de groupe 20%, rémédiable  -La présence au séminaire et à la visite d'entreprise est obligatoire sans quoi la note de l'UE sera "ABS"
<b>Report de note d'une année à l'autre pour l'AA réussie en cas d'échec à l'UE</b>	
Computational biology project : <b>non</b> Projet omique : <b>non</b>	

Année académique : **2024 - 2025**