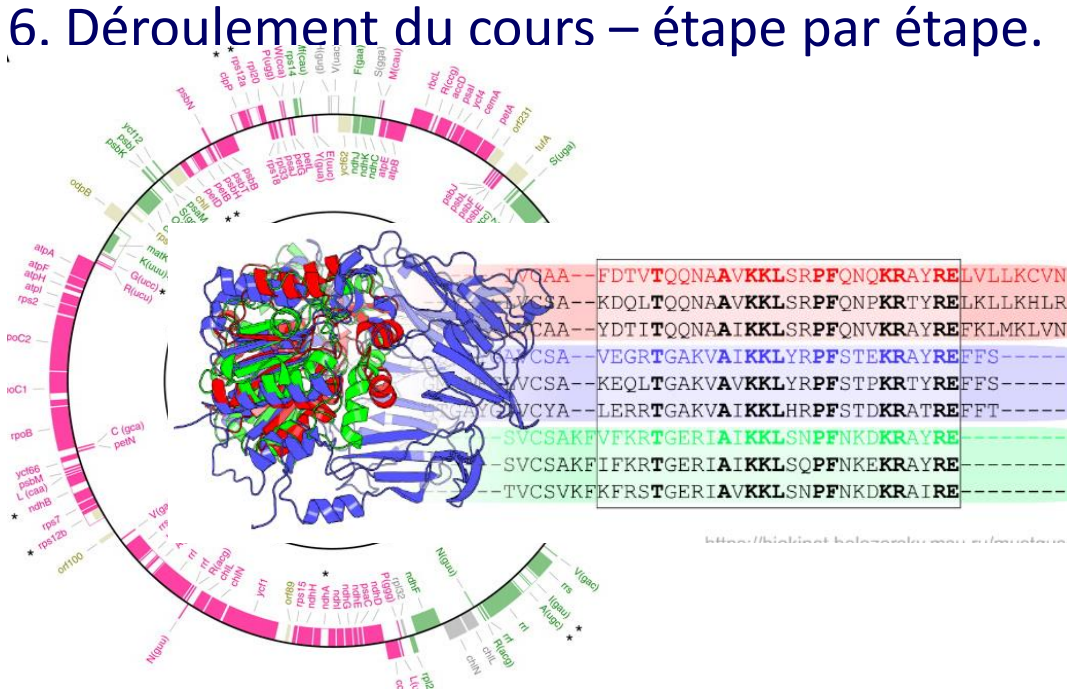


BIN6002 Été 2022

Principes de l'analyse 'omique

Séance d'introduction

1. Types d'activités effectués durant le cours
2. Connaissances requises
3. Hardware et comptes
4. Projets d'analyse
5. Formation des équipes, une chaque par projet
6. Déroulement du cours – étape par étape.



Types d'activités

Cours à distance, rencontres via Zoom

- **Analyse de données génomiques, transcriptomiques ou protéomiques**
 - Travail à l'ordinateur
 - En équipe / autonome
 - Travail *guidé* : discussions hebdomadaires avec l'enseignant responsable de l'équipe sur approches, logiciels, progrès, problèmes, étapes suivants
- **Présentations orales (préparées par toute l'équipe)**
 - *Au début du cours* : Techniques expérimentales et bio-informatiques utilisés dans des projets comme le votre, principes, défis & limites
 - *A la fin du cours* : Questions biologiques, approches analytiques, résultats, interprétation, perspectives
- **Rédaction d'un rapport**
 - Contexte biologique, approches analytiques, résultats, interprétation, perspectives (écrit par chaque étudiant individuellement).

Evaluation - Ponderation

Présentation orale #1	30 pts
Présentation orale #2	30 pts
Rapport final	40 pts
Pénalité pour absence sans avis	-20 pts / rencontre
Pénalité de retard du rapport	-10 pts / semaine

Documentations web-accessibles sur le cours

<https://megasun.bch.umontreal.ca/People/burger/teaching.html>

Gertraud Burger | teaching

- [BIN6002](#). **Principes d'analyse génomique** (principles of genome analysis, MSc program in bioinformatics).
 - [Plan & Horaire](#) et [Séance #1](#) du cours.
 - [Présentations orales](#): Sujets et équipes.
 - [Projets](#) d'analyse.
 - Comment écrire le [rapport](#); page titre ([fr](#), [en](#)).
- [BIN60051](#). **Communication scientifique en bioinformatique, partie 1** (scientific communication part 1, MSc program in bioinformatics).
- [BIN60052](#). **Communication scientifique en bioinformatique, partie 2** (scientific communication part 2, MSc program in bioinformatics).
- [BIN6007](#). **Stages avec rapport** (6-month internship with report, MSc program in bioinformatics).
- [BIN70051](#). **Communication scientifique en bioinformatique, partie 1**. (scientific communication, part 1, PhD program in bioinformatics)

<https://studium.umontreal.ca/>

BIN6002-A-E22 - Principes d'analyse génomique

[Accueil](#) / [Mes cours](#) / [BIN6002-A-E22](#)

Informations générales

Professeur responsable : Gertraud Burger

Objectifs généraux

Stratégies, méthodes, et interprétation critiques d'analyses génomiques, transcriptomiques, et protéomiques.

 [Nouvelles](#)

 [Plan du cours E2022](#)

 [Page titre du rapport final](#)

 [Instructions pour la rédaction du rapport](#)

Horaire

Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven
2 MAI 10h-12h intro dans le cours	3 MAI	4 MAI	5 MAI	<u>6 MAI</u> 10h-12h rencontre équipe
9 MAI 10h-11h prés. orale#1 Dépôt fichiers prés. orales #1-#3	10 MAI	11 MAI 10h-11h prés. orale #2	12 MAI	13 MAI 10h-11h prés. orale #3 11h-13h rencontre équipe
16 MAI	17 MAI	18 MAI	19 MAI	20 MAI 10h-12h rencontre équipe
23 MAI	24 MAI	25 MAI	26 MAI	27 MAI 10h-12h rencontre équipe
30 MAI	31 MAI			
	30 AOUT Dépôt fichiers prés. orales #1-#3 avant 20h	31 AOUT 10h-15h prés. orales #1-#3 Dépôt rapport avant 24h		

Analyse des données à l'ordinateur ; documentation des résultats

Lecture, préparation de la présentation orale

Enseignants

Responsable du cours :

Gertraud BURGER, Prof. <gertraud.burger@gmail.com>

Co-enseignants :

- B. Franz LANG, Prof. <b.franz.lang@gmail.com>
- Matt SARRASIN, MSc bio-informatique, Assistant de Recherche <matt.sarrasin@umontreal.ca>
- Matus VALACH, PhD biochimie, Assistant de Recherche <matus.a.valach@gmail.com>

Soutient informatique : Matt SARRASIN

Participants au cours

Présentez-vous :

- Études préalables
- Programme d'études actuel
- Projet de maîtrise si '-M'
- Domaine d'intérêts

NOM de FAMILLE	Prénom	MSc bioinfo	Présent
AHMED	Tahsin	BioInfo-S	
BAMBARA	Mariama	BioInfo-S	
BLIER	Véronique	Biochim-?	
CELLIER-GOET.	Stella	Biochim-?	
EMOND-FRAS.	Virginie	Biochim-?	
HANNA	Andi	Biologie-?	
KODJI	Edoh	BioInfo-M?	
LAMARCHE	Christophe	Info-?	
LE SIEUR	Félix	BioInfo-M	
LUO	Ru Lan	Info-?	
NJAKOU-YOOU.	Jeff Alex	BioInfo-S	
SHUKR	Rami	BioInfo-S	

Connaissances requises

Connaissances en Linux

- Log in & log out
- Se déplacer entre les machines et répertoires
- Editeurs de fichiers
- Manipuler input/output par commandes shell-bash, p. ex.,
`cat, cd, chmod, chgrp, chown, comm, cp, cut, df, du, exit, grep, history, hostname, kwrite, less, ls, more, mv, mkdir, rm, rmdir, sort, ssh, uniq, |, >`
- Programmation **shell** | **perl** | **python** est souhaitable

Concepts de base en biologie moléculaire

- Gène, transcrit, produits des gènes ; transcription, traduction ; processing de l'ARN ; régulation de l'expression des gènes ; modification des protéines, etc.

Hardware et comptes

- Logiciels roulent sous Linux
- Exécution (installation) des applications sur votre laptop
OU sur un serveur computationnel de votre laboratoire
OU sur un des laboratoires de Burger & Lang
- Données : disponible sur notre serveur de fichier
(`cardamom:/localdisk/sequence/BIN6002_2022/`)
pour télécharger
- Compte (login + pwd ; a créer par Matt SARRASIN)

Questions, soutien → Matt SARRASSIN

Projets d'analyse

A. Génomique comparative (enseignant B. F. LANG)

Tache : Déterminer l'origine évolutive de certains gènes chez des microbes associés avec des plantes et qui sont impliqués dans la défense contre des pathogènes.

Approches : Annotation structurale et fonctionnelle de séquences génomiques, reconstruction phylogénétique.

B. Transcriptomique (enseignant M. SARRASIN)

Tache : Identifier les gènes impliqués dans l'adaptation aux changements de la température ambiante.

Approche : Analyse de l'expression transcriptomique différentielle ; identification des fonctions des gènes régulés, classification fonctionnelle.

C. Protéomique (enseignants Gertraud BURGER, Matus VALACH)

Tache : Déterminer le niveau de la régulation des gènes : ARNm ou protéine.

Approche : Analyse comparative des données de spectroscopie de masse et transcriptomique ; regroupement, classification fonctionnelle.

Lequel des projets préférez-vous ?

Regroupement en trois équipes à 4

Votre préférence de projet ?

0 = aucune préférence

1 = 1ère choix

2 = 2ème choix

3 = 3ème choix

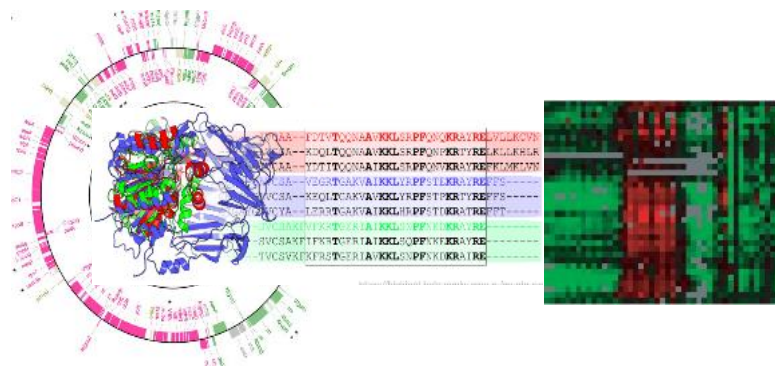
Affectation aux projets / équipes :

→ message courriel de GB

Etudiant	Génomique	Transcriptomique	Protéomique
	0	0	0
Andi H.			
Christophe L.			
Edoh K.			
Felix L.S.			
Jeff N.Y.			
Mariama B.			
Rami S.			
Ru-Lan L.			
Stella C-G.			
Tahsin A.			
Veronique B.			
Virginie E-F.			

Déroulement du cours – étape par étape

1. 1^{ère} présentation orale
2. Travaux d'analyse & rencontres avec superviseurs de l' équipe
3. 2^{ème} présentation orale
4. Rédaction du rapport de stage



Étape 1 : Présentations orales (2-13 Mai)

Une présentation chaque par projet/équipe (30 min + 10 min discussion)

- Préparée collectivement par l'équipe

Contenu

- Introduction générale au domaine 'Omique respectif
- Technologies expérimentales et limitations
- Méthodologies bio-informatiques utilisées dans l'analyse : principes, limitations, outils
- Le système biologique étudié, questions & hypothèses du projet
- Voir [Projets](https://megasun.bch.umontreal.ca/People/burger/Teaching/bin6002-projects.pdf) d'analyse
<https://megasun.bch.umontreal.ca/People/burger/Teaching/bin6002-projects.pdf>



Étape 2 : Analyses bio-informatiques (6-31 Mai)

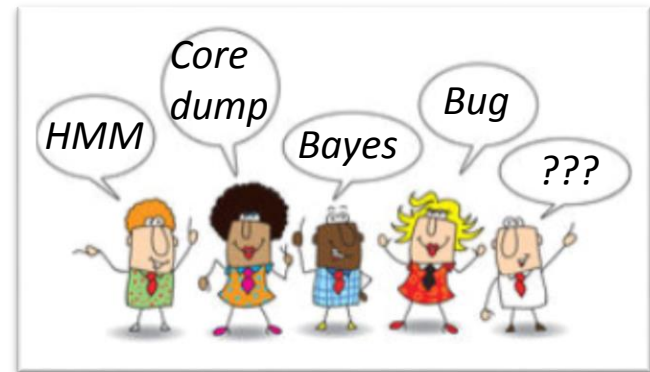
Travaux autonomes & en équipe

- Télécharger les données dans votre espace de travail
- Recherche d'outils bio-informatiques
- Etudier l'utilisation des outils (paramètres etc.)
- (Installer), exécuter les outils, documenter les résultats
- Comparer aux résultats obtenus avec d'autres outils
- Interprétation *critique* des résultats



Discussions équipe-enseignant lors des rencontres hebdomadaires

- Approche générale et étapes des analyses
- Outils pour les différentes tâches
- Progrès
- Problèmes et solutions.



Étape 3 : Présentations orales FINALE (31 Aout)

Une présentation chaque par projet/équipe

- Préparée collectivement par l'équipe (30 min + 10 min discussion)

Contenu

- Introduction au projet, questions et/ou hypothèses
- Approche générale de l'analyse choisie
- Méthodologies bio-informatiques appliquées dans l'analyse
- Résultats et interprétation critique
- Travaux futurs suggérés; conclusions, perspectives.



Étape 4 - final : Rapport écrit (31 Aout)

Description du **contexte biologique** jusqu'aux **perspectives**

Voir 'Comment écrire le [rapport](#)'

<https://megasun.bch.umontreal.ca/People/burger/teaching.html>

Form d'une publication bio-informatique (p.a. Genome Res).

Style du texte : Scientifique, concis, précis. Taille de police 12, espacement simple, marges 0.7".

Sections

1. *Résumé* (max. 250 mots, en « l'autre » langage officiel du Canada).
2. *Introduction* (~1-2.5 p.) : Contexte biologique ; état des connaissances actuelles.
3. *Questions, hypothèses & objectifs* (~0.5 p.) : ...et brève justification de votre approche.
4. *Méthodes* (~2-5 p) : Données (origine, format...), méthodes et outils informatiques utilisés.
5. *Résultats* (~3-5 p) : Description des résultats et des tentatives non-réussites.
6. *Discussion* (~2-3 p) : Interprétation critique des résultats; pros & cons de votre approche.
7. *Conclusion et perspectives* : Pertinence des résultats ; améliorations, travaux futurs.
8. *Remerciements* (<0.25 p);
9. *Références* (>10,<30); Endnote ou équivalent.

Données confidentielles : NE DEPOSEZ PAS VOS ANALYSES/RAPPORT SUR L'INTERNET.

What next ?

- I. **Sous peu** : vous recevrez un courriel de GB sur votre **affectation à un des trois projets/équipes**
- II. **2-6 mai** : les équipes organisent des rencontres pour **concevoir leur présentation orale**
- III. **6 mai 10h** : **Réunion des équipes** avec leur enseignant (vous recevrez une invitation zoom).

Les projets / équipes

Génomique (enseignant BF. Lang)

1

2

3

4

Transcriptomique (enseignant M. Sarrasin)

1

2

3

4

Protéomique (enseignants G. Burger, M. Valach)

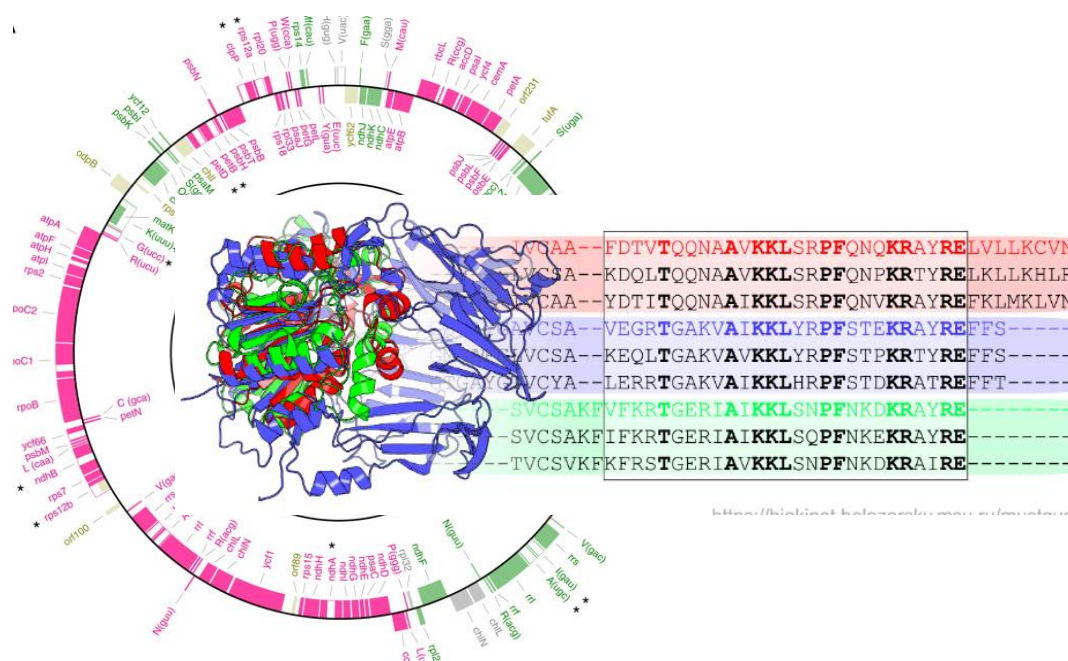
1

2

3

4

Questions – commentaires ?



<https://hsb2017.kellogg.cmu.edu/structure/>