

## Bioinformatique

### Omiques 3 : Transcriptomique

#### IDENTIFICATION

CODE : BS-4-S2-EC-  
BMOMIQ3  
ECTS : 3.0

#### HORAIRES

Cours : 14.0 h  
TD : 26.0 h  
TP : 0.0 h  
Projet : 0.0 h  
Face à face  
pédagogique : 40.0 h  
Travail personnel : 35.0 h  
Total : 75.0 h

#### ÉVALUATION

1 Compte-rendu TP RNA-seq  
1 Poster

#### SUPPORTS PÉDAGOGIQUES

Les supports pédagogiques seront disponibles sur la page Moodle dédié à ce cours.

#### LANGUE D'ENSEIGNEMENT

Français

#### CONTACT

M. PARISOT Nicolas  
nicolas.parisot@insa-lyon.fr

#### OBJECTIFS RECHERCHÉS PAR CET ENSEIGNEMENT

##### COMPETENCES :

Cet EC contribue aux compétences ci-dessous [niveau] avec les capacités associées :

A3. Mettre en œuvre une démarche expérimentale [niveau 2]

- Mettre en œuvre des outils statistiques adaptés pour l'analyse des données transcriptomiques

A5. Traiter des données [niveau 3]

- Analyser des données de séquençage RNA-seq conventionnelles

- Identifier des variants d'épissage

- Reconstruire des réseaux de régulation de gènes

- Analyser des données de ChIP-seq

A6. Communiquer une analyse ou une démarche scientifique avec des mises en situation adaptées à leur spécialité [niveau 2]

- Réalisation d'un poster

C1. Appliquer une démarche scientifique (hypothético-déductive) pour traduire et résoudre une problématique biologique [niveau 2]

- Analyser des données de séquençage haut-débit

C3. Collecter, stocker et organiser des données biologiques obtenues in vivo, in vitro et in silico y compris massive [big data] [niveau 2]

- Manipulation de données de séquençage haut-débit

C4. Mettre en œuvre des outils d'analyse pour la biologie à haut débit [niveau 3]

- Utiliser les outils adaptés pour l'analyse de données RNA-seq

- Utiliser les outils adaptés pour l'analyse de données ChIP-seq

- Utiliser les méthodes de reconstruction de réseaux de régulation

- Utiliser les méthodes d'identification de variants d'épissage

C9. Choisir et mettre en œuvre des outils statistiques adaptés aux et à une problématique biologique [niveau 2]

- Mettre en œuvre des outils statistiques adaptés pour l'analyse des données transcriptomiques

C10. Apprécier les limites de validité d'un modèle et identifier les sources de variabilité et d'incertitudes [niveau 2]

C11. Modéliser et interpréter des données biologiques pour comprendre les processus sous-jacents [niveau 3]

- Analyser des données de séquençage haut-débit

C12. Automatiser le traitement et l'extraction de connaissances à partir de données biologiques [niveau 3]

- Mise en place de protocoles d'analyses bioinformatiques pour l'analyse de données transcriptomiques

B2. Travailler, apprendre, évoluer de manière autonome [mobilisé]

- Travaux pratiques en autonomie

B3. Interagir avec les autres, travailler en équipe [mobilisé]

- Travaux pratiques en binômes

Les connaissances associées à cet EC sont :

Biologie moléculaire

Mécanismes de régulation de l'expression des gènes

Méthodes statistiques pour l'analyse des données transcriptomiques

Reconstruction de réseaux biologiques

Analyse de données d'interactions ADN-protéines [ChIP-seq]

Analyse de données de séquençage single-cell

## OBJECTIFS :

A l'issue de ce module l'étudiant devra être capable de s'insérer dans un programme de recherche ou de développement en bioinformatique pour l'analyse de données transcriptomiques avec une complète autonomie de travail.

Les objectifs pédagogiques de ce module sont :

- d'apporter les concepts biologiques, mathématiques et informatiques fondamentaux en bioinformatique pour la transcriptomique et la régulation de l'expression des gènes.

## PROGRAMME

Introduction à la Transcriptomique

Partie Théorique : Cours introductif à la transcriptomique (méthodes d'analyses du transcriptome, RNA-seq, microarray, single cell)

RNA-seq classique

Partie Pratique : QC, Mapping, Comptage, Expression différentielle, GSEA

Inférence de réseaux de régulation

Partie Théorique : Introduction à l'inférence de réseaux de gènes

Partie Pratique : clustering de gènes co-exprimés, inférence de réseaux de gènes

ChIP-seq

Partie Théorique : Introduction à la biophysique des interactions ADN-protéines et au ChIP-seq

Partie Pratique : TP ChIP-seq

Advanced RNA-seq

Partie Théorique : Introduction à la prédiction de variants d'épissage

Partie Pratique : Prédiction de variants d'épissage, apport des approches de novo

## BIBLIOGRAPHIE

-

## PRÉ-REQUIS

- bases de l'algorithmique
- bases de la biologie moléculaire

## INSA LYON

**Campus LyonTech La Doua**

20, avenue Albert Einstein - 69621 Villeurbanne cedex - France

Tel. +33 (0)4 72 43 83 83 - Fax +33 (0)4 72 43 85 00

[www.insa-lyon.fr](http://www.insa-lyon.fr)