

# Genomics, Transcriptomics and Epigenomics

## Titulaires

Jean-François FLOT (Coordonnateur) et Matthieu DEFRANCE

## Mnémonique du cours

BINF-F402

## Crédits ECTS

5 crédits

## Langue(s) d'enseignement

Anglais

## Période du cours

Premier quadrimestre

## Campus

Solbosch

## Contenu du cours

Le cours se composera cette année de douze sessions de quatre heures chacune. La langue d'enseignement sera l'anglais.

Les séances auront lieu le mercredi de 14h00 à 18h00.

Sessions 1 à 6 : introduction aux approches omiques et analyses de données de séquençage de nouvelle génération

Sessions 7 à 12 : l'assemblage de données génomiques, théorie et pratique

## Objectifs (et/ou acquis d'apprentissages spécifiques)

A l'issue de ce cours les étudiants seront capables de:

- > expliquer les différentes méthodes de séquençage de l'ADN et de l'ARN et assurer le traitement bioinformatique des résultats obtenus (manipulation en ligne de commande des différents formats de fichier, conversions d'un format en un autre, vérification de la qualité des séquences);
- > expliquer les différentes méthodes d'assemblage de novo, de mappage et d'annotation de données génomiques; réaliser des assemblages et estimer la qualité du résultat obtenu;
- > expliquer les différentes approches d'épigénomique et mettre en oeuvre les techniques d'analyse correspondantes.

## Pré-requis et co-requis

### Connaissances et compétences pré-requises

Pour profiter au mieux du cours il est recommandé que les étudiants se plongent par eux-même dans l'utilisation de la ligne de commande et de R.

Concernant la ligne de commande des systèmes \*nix (unix, linux, osx and the like):

<https://datacarpentry.org/shell-genomics/>

[http://linuxcommand.org/lc3\\_learning\\_the\\_shell.php](http://linuxcommand.org/lc3_learning_the_shell.php)

[http://webext.pasteur.fr/tekaia/BCGA2012/TALKS/FT\\_Unix.pdf](http://webext.pasteur.fr/tekaia/BCGA2012/TALKS/FT_Unix.pdf)

<https://www.cs.usfca.edu/~parrr/course/601/lectures/unix.util.html>

Concernant R:

<https://www.guru99.com/r-tutorial.html>

<https://www.statmethods.net/r-tutorial/index.html>

<https://www.tutorialspoint.com/r/index.htm>

Il est également souhaitable que les étudiants s'assurent d'avoir accès à une ligne de commande \*nix sur leur machine avant le début du cours. Les utilisateurs de Linux et d'OSX auront cet accès sans effort additionnel, mais les utilisateurs de Windows doivent installer soit le Windows Subsystem for Linux (<https://docs.microsoft.com/en-us/windows/wsl/install>) [<https://www.slothparadise.com/setup-bash-windows-10-developers-ultimate-setup/>] ou Cygwin (<https://www.cygwin.com/>) si leur version de Windows est plus ancienne.

## Méthodes d'enseignement et activités d'apprentissages

Les séances combineront présentations théoriques et applications.

### Contribution au profil d'enseignement

S'approprier les concepts et les connaissances fondamentales d'informatique et de biologie nécessaires à l'élaboration de projets bioinformatiques ou de modélisation.

Analyser de manière critique des articles originaux de recherche en bioinformatique et modélisation.

Appréhender l'évolution des connaissances sur un sujet donné et collecter et gérer les articles scientifiques s'y référant.

Maîtriser les approches mathématiques, statistiques et informatiques sur lesquelles se fondent les études bioinformatiques et de modélisation.

Pouvoir utiliser les ressources bioinformatiques existantes et développer de nouveaux logiciels (algorithmes, bases de données, outils d'analyses, etc.).

Rédiger un rapport de recherche avec clarté et rigueur.

Présenter oralement de manière claire et concise les résultats d'un travail et les confronter aux questions et critiques de l'audience.

### Références, bibliographie et lectures recommandées

Haddock & Dunn, 2010. Practical Computing for Biologists. Sinauer Associates. 538 pp. ISBN 9780878933914

Wang, 2016. Next-Generation Sequencing Data Analysis. CRC Press. 246 pp. ISBN 9781482217889

## Autres renseignements

### Lieu(x) d'enseignement

Solbosch

### Contact(s)

jean-francois.flot@ulb.be

matthieu.defrance@ulb.be

## Méthode(s) d'évaluation

Projet

## Construction de la note (en ce compris, la pondération des notes partielles)

50% projet 1

50% projet 2

## Langue(s) d'évaluation principale(s)

Anglais

## Programmes

### Programmes proposant ce cours à la faculté des Sciences

MA-BINF | **Master en bioinformatique et modélisation** | finalité Approfondie/bloc 1 et MA-BIOR | **Master en biologie des organismes et écologie** | finalité Approfondie/bloc 2 et finalité Erasmus Mundus Joint Master Degree in Tropical Biodiversity and Ecosystems - TROPIMUNDO/bloc 1

