

Outils biotechnologiques (OBT) – Analyses de données multi-omiques

Gaëlle Lelandais et Fabrice Confalonieri

2024 – 2025

Pourquoi cet enseignement ?

L'analyse de **grands jeux de données** est un défi de la biologie actuelle. Il s'agit d'**organiser**, d'**analyser** et de **valoriser** les projets scientifiques reposant sur des approches expérimentales haut débit, ou « **omiques** » (génomique, transcriptomique, protéomique, etc.).

Cette unité d'enseignement vise à mettre en application les **outils informatiques et statistiques** indispensables aux **analyses de données massives** (« big data » en biologie).

Qui sommes-nous ?

Gaëlle Lelandais



Fabrice Confalonieri



Organisation de l'UE

- Choix d'une unique problématique biologique
 - Lien entre les séances,
 - Mise en application de multiples ressources et outils bioinformatiques de façon intégrée.
- Alternance entre des cours et des activités pratiques
 - 7 séances le mercredi après-midi (14h00 – 17h00),
 - Travail en salle informatique.

La plateforme eCampus

Université Paris-Saclay / 2024 / 940-SCIENCES-2024
/ Second Semestre 2024 - 2025

Outils Biotechnologiques - Analyse de données multi-omiques

Actions par lots 



Cours

Paramètres

Participants

Notes

Rapports

Plus 

<https://ecampus.paris-saclay.fr/course/view.php?id=165838>

Planning et salles

Séance	Date	Horaire	Avec	Salle	
1	05/02/2025	14h00 - 17h00	Gaëlle et Fabrice	323 (Bat. 336)	
2	12/02/2025	14h00 - 17h00	Gaëlle	323 (Bat. 336)	
3	19/02/2025	14h00 - 17h00	Gaëlle	323 (Bat. 336)	
4	05/03/2025	14h00 - 17h00	Fabrice	323 (Bat. 336)	
5	12/03/2025	14h00 - 17h00	Gaëlle et Fabrice	313 (Bat. 336)	
6	19/03/2025	14h00 - 17h00	Fabrice	313 (Bat. 336)	
7	26/03/2024	14h00 - 17h00	Gaëlle et Fabrice	313 (Bat. 336)	
	Rendu des rapports d'analyses : le 02 avril 2025 (14h00)				
Espace eCampus :		https://ecampus.paris-saclay.fr/course/view.php?id=165838			

Modalités d'évaluation des connaissances et des compétences

- Session 1

- Contrôle continu : 100 %

- 40% : Participation aux activités proposées en salle et entre les séances (quiz, rendus eCampus, exercice DdrO, etc.)

- 60% : Compte rendu d'analyses (à rendre 1 semaine après la dernière séance de l'UE)

- Session 2

- Examen écrit : 100%

Le projet ...

- Répéter et compléter les analyses de données multi-omiques d'un article scientifique.




Article

Characterization of the Radiation Desiccation Response Regulon of the Radioresistant Bacterium *Deinococcus radiodurans* by Integrative Genomic Analyses

Nicolas Eugénie , Yvan Zivanovic , Gaëlle Lelandais, Geneviève Coste, Claire Bouthier de la Tour, Esma Bentchikou, Pascale Servant [†] and Fabrice Confalonieri ^{*,†}

Université Paris-Saclay, CEA, CNRS, Institute for Integrative Biology of the Cell (I2BC), 91198 Gif-sur-Yvette, France; nicolas.eugenie@i2bc.paris-saclay.fr (N.E.); yvan.zivanovic@i2bc.paris-saclay.fr (Y.Z.); gaelle.lelandais@i2bc.paris-saclay.fr (G.L.); genevieve.coste@i2bc.paris-saclay.fr (G.C.); claire.bouthier@i2bc.paris-saclay.fr (C.B.d.l.T.); esma.bentchikou@i2bc.paris-saclay.fr (E.B.); pascale.servant@i2bc.paris-saclay.fr (P.S.)
^{*} Correspondence: fabrice.confalonieri@i2bc.paris-saclay.fr
[†] These authors contributed equally to this work.

Abstract: Numerous genes are overexpressed in the radioresistant bacterium *Deinococcus radiodurans* after exposure to radiation or prolonged desiccation. It was shown that the DdrO and IrrE proteins play a major role in regulating the expression of approximately twenty genes. The transcriptional repressor DdrO blocks the expression of these genes under normal growth conditions. After exposure to genotoxic agents, the IrrE metalloprotease cleaves DdrO and relieves gene repression. At present, many questions remain, such as the number of genes regulated by DdrO. Here, we present the first ChIP-seq analysis performed at the genome level in *Deinococcus* species coupled with RNA-seq, which was achieved in the presence or not of DdrO. We also resequenced our laboratory stock strain of *D. radiodurans* R1 ATCC 13939 to obtain an accurate reference for read alignments and gene expression quantifications. We highlighted genes that are directly under the control of this transcriptional repressor and showed that the DdrO regulon in *D. radiodurans* includes numerous other genes than those previously described, including DNA and RNA metabolism proteins. These results thus pave the way to better understand the radioresistance pathways encoded by this bacterium and to compare the stress-induced responses mediated by this pair of proteins in diverse bacteria.

Keywords: radioresistance / desiccation; transcriptional regulator; *Deinococcus radiodurans*; ChIP-seq; RNA-seq; bioinformatic analyses

1. Introduction

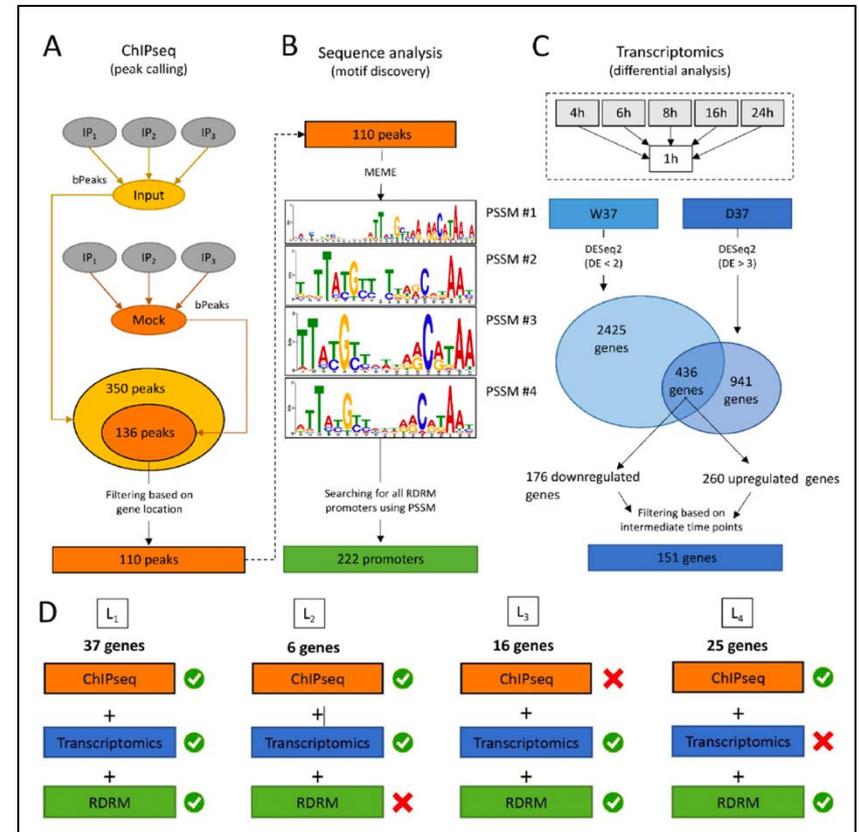
 check for updates

Citation: Eugénie, N.; Zivanovic, Y.; Lelandais, G.; Coste, G.; Bouthier de la Tour, C.; Bentchikou, E.; Servant, P.; Confalonieri, F. Characterization of the Radiation Desiccation Response Regulon of the Radioresistant Bacterium *Deinococcus radiodurans* by Integrative Genomic Analyses. *Cells* **2021**, *10*, 2536. <https://doi.org/10.3390/cells10102536>

Academic Editors: Bernard S. Lopez and Ivan Matić

Received: 19 July 2021
 Accepted: 10 September 2021
 Published: 25 September 2021

Received: 19 July 2021
 Accepted: 10 September 2021
 Published: 25 September 2021



Au menu du jour

Université Paris Saclay

Analyse de données multi-omiques (Séance 1/7)

Gaëlle LELANDAIS et Fabrice CONFALONIERI
(gaelle.lelandais@universite-paris-saclay.fr – fabrice.confalonieri@universite-paris-saclay.fr)

Ce contenu est mis à disposition selon les termes de la licence [Creative Commons BY-SA 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)

Objectif(s) de la séance

Au cours de cet enseignement, nous allons discuter les problématiques d'analyse de données multi-omiques. Pour cela, nous avons décidé de vous placer dans une situation pratique, similaire à celle d'un chercheur dans un laboratoire de génomique fonctionnelle. **Ainsi, votre objectif est de caractériser le régulon DdrO, chez la bactérie radio-résistante *Deinococcus radiodurans*.** Pour cela, nous répèterons les analyses de données multi-omiques présentées dans un article scientifique (Eugénie et al., 2021). Cette séance a pour objectif de vous présenter le contexte scientifique du projet, ainsi que les stratégies expérimentales « omiques » utilisées. Nous ferons également un bilan des outils bioinformatiques et statistiques utiles pour la réalisation du projet.

Accès aux documents

Les documents pédagogiques en relation avec cette séance de travail sont accessibles en utilisant le lien ci-dessous. A noter qu'ils seront accessibles pendant les 6 prochains mois seulement.

Liens Internet : https://drive.google.com/drive/folders/1ijQlaJdwnePZJpSR62lcq7ONPAGDobS?usp=sharing	
---	--

Afin de suivre à distance le bon déroulement des activités pédagogiques, merci de compléter le tableau partagé suivant : [Lien vers le tableau partagé](#).

Organisation de la séance

Cette séance se décompose en plusieurs activités. Elles sont détaillées ci-dessous. Les temps de réalisation des activités sont indicatifs et peuvent être ajustés en fonction de vos besoins. Pour une bonne cohérence générale des apprentissages, chacune des tâches est à réaliser, pendant la séance, ou à l'issue de la séance. **À tout moment ne pas hésiter à solliciter l'équipe pédagogique pour d'éventuelles clarifications.**

GL (version du 08/02/2022) 1

Université Paris Saclay

❖ Activité 0 : Organisation des enseignements

Résumé

Au cours de cette activité, le planning et le programme des enseignements prévus sont présentés. L'accès aux ressources pédagogiques est vérifié, ainsi que la liste des participants. Les modalités d'évaluation des connaissances et des compétences sont rappelées.

Type d'activité
Discussion en classe (G. Lelandais).

Durée
20 minutes.

Travail à réaliser

<input type="checkbox"/> Tâche 0.1 : Vérifier votre inscription au cours sur eCampus : https://ecampus.paris-saclay.fr/course/view.php?id=62536 , indiquer votre présence au cours et noter votre adresse e-mail [Lien vers le tableau partagé].
<input type="checkbox"/> Tâche 0.2 : Accéder aux documents de l'activité [Lien vers le répertoire partagé].

Ressources complémentaires

- Lien Collaborate pour suivre les séances en visio : <https://eu.bbcollab.com/quest/b20fab5accf9460195915913c8d24c38>.

❖ Activité 1 : Séminaire de recherche – Fabrice Confalonieri

Résumé

L'article scientifique dont les analyses de données multi-omiques vont être répétées, a été publié en septembre 2021, dans la revue Cells. Le chercheur qui a coordonné les analyses est Professeur à l'Université Paris Saclay (et co-responsable de cette UE ☺). Ces derniers mois, il a présenté ses travaux dans divers séminaires et conférences. Cette première activité a pour objectif de vous expliquer le contexte scientifique de l'étude, ainsi que les principaux résultats qui ont été obtenus (et sont présentés dans l'article). Les stratégies expérimentales employées sont citées (et détaillées dans l'activité suivante).

Type d'activité
CM (F. Confalonieri).

Durée
40 minutes.

Travail à réaliser

<input type="checkbox"/> Tâche 1.1 : Accéder aux documents de l'activité [Lien vers le répertoire partagé].
<input type="checkbox"/> Tâche 1.2 : Relire les diapositives du cours. Les notions abordées sont-elles claires ? Solliciter l'équipe pédagogique si des clarifications sont nécessaires. Vous pouvez poser vos questions dans la FAQ [Lien vers le fichier partagé].

Ressources complémentaires

- Page Web du journal : <https://www.mdpi.com/2073-4409/10/10/2536>
- Page Web de l'équipe de recherche : <https://www.i2bc.paris-saclay.fr/equipe-bacteria-and-archea-radioresistance/>.
- Page Web de l'ANR (soutien financier) du projet : <https://anr.fr/Projet-ANR-19-CE12-0010>

GL (version du 08/02/2022) 2

Pause de 5 minutes

Puis, place au séminaire de Fabrice !