

Analyse de données multi-omiques (Séance 4/7)

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

Pour rappel, votre objectif est de caractériser le régulon DdrO, chez la bactérie radio-résistante *Deinococcus radiodurans*. Pour cela, nous répéterons les analyses de données multi-omiques présentées dans un article scientifique (Eugénie *et al.*, 2021). Cette séance a pour objectif de **terminer l'analyse des données RNAseq**. Vous avez automatisé les analyses de données avec Galaxy, par la création d'un « workflow » et les paramètres statistiques des analyses DESeq2 ont été calculés pour l'ensemble des gènes (contexte de présence / absence de la protéine DdrO). Votre objectif est de définir **des critères de sélection** de gènes candidats pour être régulés par DdrO.

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.**

❖ **Activité 1 : Compilation des résultats des analyses DESeq2**

Résumé

Lors des TP précédents, vous avez créé un workflow Galaxy vous permettant d'automatiser la réalisation d'une recherche de gènes différentiellement exprimés avec la méthode statistique DESeq2. Son utilisation vous a permis de réaliser les comparaisons : 4h vs 1H, 6H vs 1H, 8h vs 1H, 16h vs 1h et 24h vs 1H pour les souches D37 et W37. Cela représente **10 analyses avec DESeq2**. Les valeurs de LogFC et de p-values (ajustées), obtenues pour l'ensemble des gènes de la bactérie, ont été rassemblées dans un unique fichier Excel.

Travail à réaliser



En cas de besoin, récupérer le fichier nommé « resultats_RNAseq_2025.xlsx ». Comprenez-vous l'organisation de ce fichier ? Les résultats sont-ils cohérents avec ceux présentés dans la publication originale (en particulier pour ce qui concerne les sens des log2FC) ? **Solliciter l'équipe pédagogique si des clarifications sont nécessaires.**

❖ **Activité 2 : Critères de sélection des gènes cibles de DdrO, à vous de jouer 😊**

Résumé

Les analyses de données RNAseq vous ont permis d'obtenir, pour chaque gène de la bactérie, un ensemble de valeurs numériques (nombre de lectures alignées dans plusieurs conditions, résultats DESeq2, etc.). Celles-ci doivent vous permettre de proposer une première liste de gènes, composée de ceux qui seraient de bons candidats pour être régulés par DdrO. Cette liste repose sur le choix de critères de sélection qui vous sont personnels, à vous de jouer donc !

Travail à réaliser

- ☐ Réfléchir aux critères de sélection de votre première liste de gènes cibles de DdrO. La (re)lecture de l'article scientifique peut être utile à cette étape.
☐ Pour réaliser des visualisations avec IGV, des fichiers BAM sont à votre disposition :
- D37 1h00 : <https://usegalaxy.fr/u/gaellelelandais/h/d37---1h00---fichiers-bam>
- D37 6h00 : <https://usegalaxy.fr/u/gaellelelandais/h/d37---6h00---fichiers-bam>
- W37 1h00 : <https://usegalaxy.fr/u/gaellelelandais/h/w37---1h00---fichiers-bam>
- W37 6h00 : <https://usegalaxy.fr/u/gaellelelandais/h/w37---6h00---fichiers-bam>

❖ **Activité 3 : Trucs et astuces pour l'utilisation du logiciel Excel**

Résumé

Des fonctionnalités utiles du logiciel Excel sont présentées.

❖ **Activité 4 : Étude du gène drO_2545**

Résumé

Le régulateur transcriptionnel DdrO est codé chez *D. radiodurans* par le gène drO_2545. Un motif RDRM est retrouvé dans la région promotrice du gène suggérant que ce régulateur régule l'expression de son propre gène. Le but de cette étude est d'analyser son profil transcriptionnel durant la cinétique (entre 1H et 24H) et ce, dans les deux souches W37 et D37.

Travail à réaliser

- ☐ Télécharger le document « Analyse du gene DdrO.docx ». Répondre aux questions directement dans le document. Vous pouvez vous aider de la présentation réalisée lors de la Séance 1 ainsi que de l'article scientifique. **Ce travail est à rendre sur eCampus.**

❖ Des consignes pour la rédaction du compte rendu d'analyses vous seront données lors de la prochaine séance.
