

# Caractérisation du régulon DdrO (rapport des analyses)

Gaëlle LELANDAIS et Fabrice CONFALONIERI

[gaelle.lelandais@universite-paris-saclay.fr](mailto:gaelle.lelandais@universite-paris-saclay.fr) ; [fabrice.confalonieri@universite-paris-saclay.fr](mailto: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/)

## Rédaction du rapport d'analyse

---

### ❖ Pourquoi ce travail ?

A l'issue des séances de travail ensemble, vous aurez obtenus de multiples résultats, à partir de multiples données et de multiples programmes d'analyses bioinformatiques. **Cette synthèse finale a pour objectif de vous aider à organiser et structurer vos apprentissages.** Pour quelles raisons avez-vous réalisé telle ou telle analyse ? Quelles informations ont été obtenues ? Ces informations étaient-elles fiables ? Lesquelles sont complémentaires ou bien incohérentes ? Les réponses à ces questions sont importantes pour la rédaction de votre rapport d'analyse.

### ❖ Un rapport d'analyse, c'est quoi ?

Un rapport d'analyse n'est ni un rapport de TP, ni un rapport de stage, ni une publication scientifique. **C'est un compte rendu qui s'adresse à des lecteurs experts, familiers avec la problématique qui est étudiée et les outils bioinformatiques qui ont été utilisés.** Ainsi, il n'est pas nécessaire de présenter en détails le contexte général de l'étude. Par contre, il est important de présenter **la démarche scientifique mise en place, de la commenter et de la critiquer.** Quels sont les éléments remarquables de l'étude, quels sont les éventuelles limites et les axes d'améliorations possibles ? La précision du langage et la rigueur du raisonnement sont des éléments importants. Les lecteurs doivent comprendre ce qui a été réalisé, pourquoi et comment. **Un rapport d'analyse est engageant pour celui qui le rédige, c'est-à-dire que les conclusions doivent être précises et argumentées.**

### ❖ Mise en application dans le contexte du projet

Le projet que nous vous proposons a pour objectif de définir « votre » **liste de gènes cibles du facteur de transcription DdrO, chez la bactérie *Deinococcus radiodurans*.** En fonction des analyses que vous aurez réalisées, des décisions que vous aurez prises<sup>1</sup> et de votre sensibilité de scientifique, vos listes pourront comporter plus ou moins de gènes, et seront plus ou moins différentes. La lecture de votre rapport d'analyse doit nous permettre de comprendre les décisions que vous avez prises à chacune des étapes et les raisons pour lesquelles vous les avez prises. Notez que ces raisons peuvent parfois être « décevantes », par exemple si vous avez rencontré des limites techniques<sup>2</sup>. A nouveau l'essentiel est d'expliquer « d'expert à expert » le pourquoi et le comment.

---

<sup>1</sup> Par exemple « Est-ce que je décide de réaliser un filtrage des séquences des adaptateurs Illumina avant de réaliser l'étape d'alignement sur le génome ? », ou bien « Est-ce que je décide d'utiliser des paramètres pour bPicks qui me donne un très grand nombre de pics ? (ou bien l'inverse !) », ou encore « Est-ce que je décide de réaliser la recherche de motifs uniquement sur les séquences des pics localisés dans les promoteurs des gènes ? », etc.

<sup>2</sup> Par exemple « Je présente ici 20 gènes pour lesquels les données transcriptomiques sont cohérentes avec un effet represser de DdrO. Ce travail étant réalisé de façon manuelle, je n'ai pas pu en identifier d'autres ».

❖ **Quelques informations pratiques**

Votre rapport d'analyse devrait ainsi être long de **4-5 pages de texte**, les figures n'étant pas prises en compte. Celles-ci peuvent être présentées au fil du rapport ou bien ajoutées en annexe. Ci-dessous une proposition de grille de critères, pour vous aider à comprendre nos attentes. **Le rapport est à remettre sur eCampus.**

Insuffisant	Liste de gènes cibles obtenue, mais non détaillée dans le rapport. Il n'y a pas d'explication de la méthodologie employée, ni des spécificités des analyses des jeux de données.
A améliorer	Liste de gènes cibles obtenue, présentée sous la forme d'un tableau (pas de graphique visuel). La méthodologie est énoncée, mais pas justifiée (en termes de choix des valeurs des seuils, de la prise en compte des spécificités des jeux de données).
C'est bien !	Les jeux de données sont présentés, ainsi que les analyses de contrôles préliminaires. Les difficultés du projet sont exposées et les méthodologies choisies justifiées. Les résultats sont représentés de façon synthétique (tables récapitulatives, représentations graphiques) et la liste finale des gènes cibles retenus est discutée (en termes de confiance associée, risques de faux positifs et faux négatifs).
C'est très bien, bravo !	Les jeux de données sont présentés, le texte est travaillé (concis et précis, grammaire et orthographe vérifiées). Les analyses de contrôles préliminaires sont expliquées (quel intérêt ? quels résultats ?). Les difficultés du projet sont exposées, à la fois du point de vue biologique et du point de vue bioinformatique. Les méthodologies choisies sont justifiées. Les résultats sont représentés de façon synthétique (tables récapitulatives, représentations graphiques, les légendes sont explicites et détaillées) et la liste finale des gènes cibles retenus est discutée (en termes de confiance associée, risques de faux positifs et faux négatifs). Des perspectives ou améliorations possibles du travail sont décrites en fin de texte.