



Institut national
de la recherche
scientifique

PLAN DE COURS

Nom du cours :

Génomique appliquée à l'environnement

Sigle du cours :

ETE-426

Offert au trimestre :

Hiver 2024

Nombre de crédits :

3

Heure :	9-12	Date :	les jeudis	Local :	En présence (salle 2416) et en ligne
---------	------	--------	------------	---------	--------------------------------------

PROFESSEUR RESPONSABLE ET COORDONNÉES

Jérôme Comte
Centre-Eau Terre Environnement
490, rue de la Couronne
Québec (Québec) G1K 9A9 CANADA
T 418 654-2591
jerome.comte@inrs.ca

AUTRES PROFESSEURS PARTICIPANTS AU COURS, LE CAS ÉCHÉANT

Valérie Langlois et Kokou Adjallé (INRS-ETE), Etienne Yergeau (INRS-AFSB)

DESCRIPTION DU COURS

Ce cours permet aux étudiants.es d'apprendre la théorie et les applications des techniques de séquençage de nouvelle génération. Plus spécifiquement, les notions d'ADN environnemental, de microbiome, de métabarcoding, de métagénomique, métatranscriptomique, métaprotéomique, épigénétique seront couvertes. Les méthodes d'échantillonnage et de préparation et d'analyse des échantillons seront présentées. Ce cours permet également de familiariser les étudiant.e.s aux traitements de bases de données, et des techniques d'analyse de séquences. Ce cours inclus des travaux dirigés donnant lieu à des exercices divers en bioinformatique et R.

OBJECTIFS DU COURS

À la fin de cours, les étudiant.e.s seront en mesure de :

- Identifier les différentes méthodes en génomique et apprécier la valeur de leur utilisation à des problématiques dans les sciences en environnement
- Développer des compétences à l'utilisation d'outils d'analyse de données génomiques
- Comprendre comment ces connaissances peuvent être appliquées à la gestion de la biodiversité et des écosystèmes.

CONTENU DU COURS

11 janvier :	Introduction générale (revue des concepts de base, PCR, Cytométrie) et applications dans divers secteurs	Jérôme Comte
18 janvier	ADN environnemental (intro, échantillonnage, qPCR, sonde Taqman, analyse des données, réglementation)	Valérie Langlois
25 janvier	Protéomique – Théorie et pratique	Jérôme Comte & Valentine Cyriaque
01 février	Métagénomique et microbiome – Partie 1 – Metabarcoding	Jérôme Comte
16 février	Métagénomique et microbiome – Partie 2 – Métagénomique	Étienne Yergeau
16 février	Ingénierie microbienne – Partie 1	Étienne Yergeau
22 février	Métagénomique et microbiome – Partie 3 – Utilisation de la génomique pour la recherche dans les laboratoires du gouvernement canadien	Christine Martineau & Sophie Crevecoeur
29 février	Métagénomique et microbiome – Partie 4 – analyse de séquences et bioinformatique	Valentine Cyriaque & Naila Barbosa da Costa
07 mars	Génomique microbienne et suivi in situ	Jérôme Comte & Naila Barbosa da Costa
14 mars	Transcriptomique – (primers design et analyse de données, RT-RT PCR,)	Valérie Langlois
21 mars	Épigénétique – Théorie et pratique	Christelle Leung

28 mars	Ingénierie microbienne – Partie 2	Kokou Adjallé
04 avril	Métabolomique – Théorie et pratique	Jérôme Comte
11 avril	Présentations finales étudiantes	Jérôme Comte

MATÉRIEL DIDACTIQUE ET APPROCHES PÉDAGOGIQUES

- Notes et capsules de cours (pdf, PowerPoint, mp4) accessibles par Moodle
- Exposés magistraux donnés en classe et sous forme de narration PowerPoint
- Exercices, études de cas et discussions

ÉVALUATION

L'évaluation comprendra deux composantes :

- Un travail écrit sera à remettre à la suite des blocs d'introduction, Métagénomique – Microbiome, Métaprotéomique et Épигénétique (15 % chacun)
- Une présentation d'étude de cas sur une thématique liée à la génomique sera choisie et présentée par les étudiant.e.s (40%)

Barème de conversion :

Cote	Équivalence
A+	90-100
A	85-89
A-	80-84
B+	77-79
B	73-76
B-	70-72
C+	65-69
C	60-64
E	< 60

Pour plus de détails:

[Politique d'intégrité en recherche:](http://www.inrs.ca/sites/default/files/inrs/politiques_procedures_reglements/Politique_IntegriteRecherche%20VersionFinale.pdf)

(http://www.inrs.ca/sites/default/files/inrs/politiques_procedures_reglements/Politique_IntegriteRecherche%20VersionFinale.pdf)

[Intégrité en recherche : Guide pour les étudiants:](http://www.inrs.ca/sites/default/files/etudier_inrs/etudiants_actuels/INRS_Guide_de_letudiant_Integrite_Recherche.pdf)

(http://www.inrs.ca/sites/default/files/etudier_inrs/etudiants_actuels/INRS_Guide_de_letudiant_Integrite_Recherche.pdf)

CONSIGNES RELATIVES AUX RETARDS DES TRAVAUX ET ABSENCE À UN EXAMEN

Les retards et absences doivent être motivés.

INFORMATIONS COMPLÉMENTAIRES

Exceptionnellement, 2 cours seront donnés le 16 février par Etienne Yergeau qui est de passage sur Québec. Un cours sera donné le matin, et l'autre en après-midi.
Les cours sont en présentiel mais offert en mode hybride au besoin.
Installer R-Studio et les packages dada2, ShortRead, et Biostrings

BIBLIOGRAPHIE SOMMAIRE

Angers, B., Perez, M., Menicucci, T., & Leung, C. (2020). Sources of epigenetic variation and their applications in natural populations. *Evolutionary Applications*.

Edge, T. A., Baird, D. J., Bilodeau, G., Gagné, N., Greer, C., Konkin, D. et al. (2020). The Ecobiomics project: Advancing metagenomics assessment of soil health and freshwater quality in Canada. *Science of The Total Environment*, 710, 135906.

Aguiar-Pulido et al. metagenomics, metatranscriptomics, and metabolomics approaches for microbiome analysis. *Evolutionary Bioinformatics* 2016:12(s1) 5–16 doi: 10.4137/EBo.s36436.

Escobar-Zepeda A, Vera-Ponce de León A and Sanchez-Flores A (2015) The Road to Metagenomics: From Microbiology to DNA Sequencing Technologies and Bioinformatics. *Front. Genet.* 6:348. doi: 10.3389/fgene.2015.00348

Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature methods*, 13(7), 581-583.