

PROJET BIOINFORMATIQUE

Le mini projet a pour but de vous faire explorer une problématique biologique et de proposer des solutions à l'aide des outils et méthodes de bio-informatique vues pendant le semestre.

DÉROULEMENT DU PROJET

Les dernières séances de cours et de travaux pratiques sont entièrement dédiées à la réalisation du mini-projet, effectué individuellement ou en groupe, en fonction du nombre d'étudiants inscrits. Chaque projet fera l'objet d'une évaluation basée sur un rapport écrit et une présentation orale.

À mi-parcours, vous devrez **présenter votre travail (10 minutes)** pour faire le point sur l'avancement des travaux. Cette étape permet, si nécessaire, de redéfinir les objectifs ou d'ajuster la portée du projet. Lors de la dernière session, les groupes remettent leur **rapport final** et présentent leur démarche, leurs analyses et leurs résultats dans un **exposé de 15 minutes**, suivi de 5 minutes de questions.

Livrable attendu : un rapport synthétique présentant la démarche, les outils utilisés, les résultats obtenus et une discussion critique des choix méthodologiques et biologiques.

PROJET 1

DÉTERMINER LES MÉCANISMES GÉNÉTIQUES ET MÉTABOLIQUES QUI SOUS-TENDENT L'ACTION D'UN BACTÉRIOPHAGE

OBJECTIF

Ce projet vise à définir une stratégie d'analyse permettant d'identifier les éléments génétiques spécifiques du génome de bactériophages pouvant expliquer, au moins en partie, les mécanismes d'interaction avec la bactérie opportuniste *Pseudomonas aeruginosa*. L'objectif est de mieux comprendre les facteurs qui sous-tendent la spécificité d'action des phages, en s'appuyant sur une comparaison de génomes et l'analyse de données d'interactions.

Tâches attendues :

1. **Revue bibliographique**
2. **Définition d'une stratégie d'analyse**
3. **Analyse comparative des génomes de phages**
4. **Croisement avec les données d'interaction**
5. **Discussion et interprétation biologique**

DATA

42 génomes de Phage et un fichier d'interactions (Pseudomonas_aeruginosaPhagesGenome.csv, InteractionPhagePseudomonas_aeruginosa.txt)

Si nécessaire, nous possédons une collection de génome de phages non actifs contre les souches de *Pseudomonas aeruginosa*, ainsi que les séquences de toutes les souches de *Pseudomonas aeruginosa*.

PROJET 2

PRÉDICTION DES PROTÉINES MEMBRANAIRES

OBJECTIF

L'objectif de ce projet est de concevoir une approche permettant de prédire si une protéine humaine est ou non localisée au niveau de la membrane cellulaire. Les étudiants sont libres de choisir une méthodologie appropriée, en s'appuyant sur des approches reconnues dans la littérature scientifique. Le choix de la méthode devra être justifié en fonction des données disponibles, des outils sélectionnés et des hypothèses de travail formulées.

1. **Revue bibliographique**
2. **Définition de la stratégie méthodologique**
3. **Collecte et préparation des données**
4. **Mise en œuvre de la méthode choisie**
5. **Présentation des résultats**

DATA

Récupérer les séquences, créer des sets de données adaptés à un outil de prédiction, utiliser des protéines de humaines uniquement et annotées expérimentalement (pour leur localisation subcellulaire ou membranaire).

PROJET 3

DÉVELOPPEMENT D'UN VACCIN PEPTIDIQUE CONTRE LES LEISHMANIOSES HUMAINES

OBJECTIF

L'objectif est d'identifier des antigènes vaccinaux spécifiques à la *Leishmania* dans le but de contribuer à la mise au point d'un vaccin prophylactique à visée humaine. Pour ce faire, les étudiants exploiteront des données protéomiques issues de quatre espèces pathogènes de leishmanies : *Leishmania infantum*, *L. major*, *L. braziliensis* et *L. donovani*.

1. **Revue bibliographique**
2. **Définition d'une stratégie d'analyse**
3. **Collecte des données**
4. **Sélection des antigènes candidats**
5. **Analyse des épitopes**

DATA

Récupérer les données protéomiques disponibles pour les quatre espèces ciblées (*L. infantum*, *L. major*, *L. braziliensis* et *L. donovani*).

PROJET 4

DÉVELOPPEMENT D'UN VACCIN PEPTIDIQUE CONTRE LE SARS-COV-2

OBJECTIF

L'objectif de ce projet est d'identifier des épitopes capables d'induire une réponse immunitaire efficace contre le SARS-CoV-2, en vue de la conception d'un vaccin épitopique. Pour ce faire, les étudiants mobiliseront des approches d'immuno-informatique afin de caractériser les épitopes des cellules B et T issus de la protéine Spike, cible majeure dans le développement vaccinal contre le COVID-19.

1. **Revue bibliographique**
2. **Définition d'une stratégie d'analyse**
3. **Collecte des données**
4. **Identification des épitopes candidats**
5. **Évaluation et sélection des meilleurs épitopes**

DATA

Récupérer la séquence de la protéine Spike du SARS-CoV-2 à partir des bases de données de référence (ex. : UniProt, NCBI).

PROJET 5

ANALYSE COMPARATIVE DE GÉNOMES MITOCHONDRIAUX DE DIFFÉRENTES LEVURES DANS UN CONTEXTE DE DIGESTION DU GLUCOSE

OBJECTIFS

Ce mini-projet vise à comparer les génomes mitochondriaux de deux espèces modèles de levures, *Schizosaccharomyces pombe* et *Saccharomyces cerevisiae*, dans le but d'explorer leurs implications dans le métabolisme du glucose, en conditions aérobies (respiration) et anaérobies (fermentation).

1. **Comparaison des génomes mitochondriaux (mtDNA)**
2. **Extraction des gènes codants et de leurs annotations**
3. **Analyse statistique descriptive**
4. **Contextualisation métabolique**
5. **Présentation des résultats**

DATA

Outre les bases de données et outils vus en cours, vous pouvez utiliser KEGG afin de visualiser et d'identifier les voies métaboliques. D'autres bases de données comme Pombase pour *S. Pombe* peuvent apporter un plus.

PROJET 6

PROJET LIBRE

OBJECTIFS

~~Si vous avez une question biologique qui peut être résolue ou partiellement résolue par la bioinformatique, n'hésitez pas à proposer votre propre projet.~~

Ce mini-projet vous offre la possibilité de proposer et de développer un sujet de votre choix, à condition qu'il soit ancré dans une problématique biologique clairement définie et qu'il mobilise des outils et méthodes de bioinformatique dans une perspective de recherche.

Ce qui est attendu :

- Un **questionnement biologique pertinent**, que vous souhaitez explorer ou approfondir,
- L'**utilisation rigoureuse d'approches bioinformatiques** pour traiter tout ou partie de cette problématique,
- Une **démarche scientifique structurée** et argumentée,
- Et enfin, une **ouverture à la créativité** : vous êtes encouragés à faire preuve d'initiative, de curiosité et d'inventivité dans la formulation de votre sujet et dans l'approche proposée.