

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 2/5 : Analyses RNA-seq

Le cycle de formation « Analyses de données de séquençage haut-débit » est constitué de cinq modules. :

- 1) Analyses ADN
- 2) **Analyses RNA-seq**
- 3) Analyses ChIP-seq
- 4) Analyses de variants
- 5) Métagénomique

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping, assemblage) est nécessaire à la bonne compréhension des modules suivants. De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des participants qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.

OBJECTIFS	<ul style="list-style-type: none"> - Savoir réaliser une analyse transcriptomique par RNA-seq avec ou sans (de novo) génome de référence à l'aide du portail Galaxy - Avoir un regard critique sur la qualité des lectures obtenues par le séquenceur - Connaître et savoir paramétrer les outils nécessaires à l'analyse - Connaître les méthodes de normalisation des données et d'analyse différentielle
PUBLIC CONCERNE	Biologistes et médecins : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants
PRE-REQUIS	<ul style="list-style-type: none"> - Etre familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy ») - Avoir suivi le module 1/5 « Analyses ADN » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et leur alignement.
CONTENU	<p><i>Pour RNA-seq avec génome de référence spécifiquement</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - État de l'art et performances comparées des logiciels - Assemblage des transcrits (ex : CRAC+STAR+StringTie) - Alignement complet des lectures (ex : Hisat2, CRAC, STAR) - Quantification des lectures alignées (ex : Kallisto) <p><i>Pour RNA-seq de novo spécifiquement</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Assemblage de novo des lectures (ex : Trinity) - Alignement complet des lectures (ex : Bowtie2) - Quantification des lectures alignées (ex : Htseq-count, Rsem) <p><i>Pour les deux types d'analyses</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Analyse différentielle de l'expression des gènes (ex : DESeq2)
METHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 2/5 : Analyses RNA-seq

DATES	Du 5 au 7 avril 2017
INTERVENANTS	<p style="text-align: center;">Guillemette Marot, MCF, Université de Lille, Droit et Santé & Inria, Mikaël Salson, MCF, Université de Lille, Sciences et Technologies Sylvain Legrand, MCF, Université de Lille, Sciences et Technologies</p> <p style="text-align: center;">Nicolas Philippe/Jérôme Audoux, Bioinformaticiens, Seq One/Université de Montpellier</p> <p style="text-align: center;">En collaboration avec <i>bilille</i>, la plateforme de bioinformatique de Lille</p>
EFFECTIF	Un groupe de 12 personnes
LIEU	Université de Lille
INSCRIPTIONS	Avant le 10 janvier 2017

	<p>Anne-Sophie LECLERCQ Université des Sciences et Technologies de Lille, Cité Scientifique-Bâtiment A3, Service du Personnel-Formation Continue, 59655 VILLENEUVE D'ASCQ Cedex Tél.: 03 20 33 70 71. Fax : 03 20 33 59 72. Courriel : Anne-Sophie.Grare@univ-lille1.fr</p>
	<p>Dorothee TERRY Inserm ADR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : dorothee.terryn@inserm.fr</p>
	<p>Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : pierre.silveira@dr18.cnrs.fr</p>
	<p>Nadia BENYAHIA Université Lille 2 - Université du Droit et de la Santé, 42 rue Paul Duez, 59800 LILLE Tél.: 03 20 96 43 37. Fax : 03 20 88 24 32. Courriel : nadia.benyahia@univ-lille2.fr</p>