

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

Module 3/5 : Analyses ChIP-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 | <p>Savoir analyser des données de ChIP-seq, du peak-calling à la découverte de motifs :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Savoir détecter les pics et obtenir un signal - Comprendre les différentes structures de données - Savoir effectuer les contrôles qualité - Savoir effectuer une analyse d'enrichissement de motifs - Etre capable de préparer ses résultats pour leur annotation - Comprendre comment croiser plusieurs résultats de ChIP-seq |
| PUBLIC CONCERNE | <p>Biologistes et médecins : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants</p> |
| 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. Savoir aligner les séquences pour obtenir un fichier bam à partir d'un fichier fastq. |
| CONTENU | <ul style="list-style-type: none"> - Utilisation de MACS2 et des deeptools pour la détection de pics, l'obtention de signaux et le croisement des résultats. Découverte des paramètres et contraintes des outils. - Utilisation d'outils de contrôle qualité - Découverte des formats de fichiers (bed,wig/bigwig) - Analyse d'enrichissement de motifs |
| METHODE | <p>Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy</p> |
| DATES | <p>12 et 13 juin 2017</p> |
| INTERVENANTS | <p>Julie Chevalier, IR, U. Lille, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur de Lille, U1011-EGID</p> |

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

Module 3/5 : Analyses *ChIP-seq*

| | |
|---------------------|---|
| | <p>Jérôme Eeckhoute, CR, U. Lille, Inserm, CHU Lille, Institut Pasteur de Lille, U1011-EGID Guillemette Marot, MCU, U. Lille, Droit et Santé EA 2694 & Inria MODAL</p> <p>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 TERRYN 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.terr yn@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> |