

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

Module 5/5 : Analyses RNA-seq

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

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

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois, maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping) 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.

Cette formation est proposée par la plate-forme de bioinformatique de Lille, Bilille : <https://wikis.univ-lille.fr/bilille>

| | |
|------------------------|--|
| OBJECTIFS | <ul style="list-style-type: none"> - Découvrir les fonctionnalités courantes de Galaxy, et savoir les utiliser. - 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 - Savoir réaliser une analyse différentielle de données RNA-seq à partir d'une table de comptage (quantifiant les lectures alignées) à l'aide du portail Galaxy - Avoir un regard critique sur les résultats d'une analyse différentielle |
| PUBLIC CONCERNÉ | Biologistes et médecins : enseignant-e-s-chercheur-se-s, chercheur-se-s, ingénieur-e-s, technicien-ne-s, doctorant-e-s contractuel-le-s, post-doctorant-e-s |
| PRÉ-REQUIS | La première journée du module permettra aux personnes n'ayant pas suivi le module 1 du cycle de rattraper les pré-requis nécessaires à la suite de la formation (initiation à Galaxy, nettoyage et qualités des séquences, mapping). Des concepts basiques en statistique (moyenne, variance, p-value) sont nécessaires pour être à l'aise dans la quatrième journée. |
| CONTENU | <p><i>Connaissances générales en RNA-seq</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Spécificités du séquençage - État de l'art des outils d'analyse - Contrôle qualité des séquences - Introduction à la troisième génération de séquençage (PacBio/Nanopore) <p><i>Pour RNA-seq avec génome de référence spécifiquement</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Performances comparées des logiciels - Assemblage des transcrits (ex : HiSAT2+StringTie) - Alignement complet des lectures (ex : Hisat2, STAR) - Visualisation des lectures alignées (ex: IGV) - Quantification de l'expression des transcrits (ex : Salmon, featureCounts) |

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

Module 5/5 : Analyses RNA-seq

| | |
|---------------------|--|
| | <p><i>Pour RNA-seq de novo spécifiquement</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Assemblage de novo des lectures (ex : Trinity) - Visualisation des assemblages (ex: BLAT de l'UCSC) - Quantification / expression différentielle (ex: Trinity workflow) - Variant (SNP, alternative splicing) calling (ex: KisSplice) <p><i>Pour RNA-seq biostatistiques spécifiquement</i></p> <ul style="list-style-type: none"> - Design expérimental - Analyse exploratoire - Analyse différentielle de l'expression des gènes - Mise en pratique avec SARtools |
| MÉTHODE | Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy |
| DATES | du 3 au 6 Octobre 2023 |
| INTERVENANTS | Camille Marchet, CR CNRS, BONSAI, UMR 9189, CRISTAL Pierre Pericard, IR Université de Lille, bilille, UAR PLBS |
| EFFECTIF | un groupe de 15 personnes |
| LIEU | salle de formation des personnels de l'Université de Lille (campus Pont de Bois) |
| INSCRIPTIONS | avant le 13 Juillet 2023 |

| | |
|--|---|
| | <p>Jennifer CHRETIEN Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel.: 03.62.26.95.42. Courriel : jennifer.chretien@univ-lille.fr</p> |
| | <p>Dorothee TERRYN Inserm DR 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 : dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr</p> |