

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

Module : Analyses RNA-seq

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

- 1) Analyses ADN
- 2) **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 du module 2. De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des personnes qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.




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

| | |
|------------------------|---|
| 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 - 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-es-chercheur-ses, chercheur-ses, ingénieur-es, technicien-nes, doctorant-es contractuel-les, post-doctorant-es |
| PRÉ-REQUIS | <ul style="list-style-type: none"> - Savoir utiliser la plateforme Galaxy - Connaissances basiques en analyses ADN (nettoyage et qualité des séquences, mapping, assemblage de novo) - Des connaissances basiques en statistique (moyenne, variance, p-value) sont nécessaires pour être à l'aise dans la dernière 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) <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) |

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

Module : Analyses RNA-seq

| | |
|-----------------------|---|
| | <i>Pour RNA-seq biostatistiques spécifiquement</i> <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 27 au 29 Avril 2026 (3 jours) |
| INTERVENANT·ES | Camille MARCHET, CR CNRS, BONSAI, UMR 9189, CRISTAL Marie-Joe KASSAR, Université Catholique de Lille, Faculté de Gestion, Economie et Sciences, École Du Numérique Estelle CHATELAIN, IE CNRS, Bilille, UAR PLBS Benjamin MARSAC, IE Université de Lille, Bilille, UAR PLBS |
| EFFECTIF | 12 personnes maximum |
| LIEU | Bâtiment ESPRIT (Campus Cité Scientifique) |
| INSCRIPTIONS | avant le 30 Janvier 2026 |

| | |
|--|---|
|  | 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 |
|  | Dorothee TERRYIN 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 |
|  | Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canonniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr |