

Amélioration de l'accès aux résultats biologiques : Séquençage ARN et Application Shiny

Master 1 Bioinformatique

Université de Rennes 1

2019 - 2020



David GALLIEN & Gabin COUDRAY

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

ENGAGEMENT DE NON PLAGIAT

Je, soussigné (e)

Etudiant (e) en

Déclare être pleinement informé (e) que le plagiat de documents ou d'une partie de documents publiés sous toute forme de support (y compris l'internet), constitue une violation des droits d'auteur ainsi qu'une fraude caractérisée.

En conséquence, je m'engage à citer toutes les sources que j'ai utilisées pour la rédaction de ce document.

Signature

Laboratoire de Génomique Médicale
BMT-HC - CHU Pontchaillou
2 rue Henri le Guilloux
35033 Rennes Cedex
FRANCE

Annabelle MONNIER
annabelle.monnier@univ-rennes1.fr
TÉL. 33 (0)2 99 28 92 54

Table des matières

Introduction	6
Contexte	6
Objectifs	7
Matériels et méthodes	8
Packages	8
Analyse RNAseq	8
DESeq2	8
gplot et ggrepel	8
Tidyverse	8
NMF	8
Création de l'application	8
Shiny	8
Shinydashboard	8
Autres	8
Rédaction du rapport	8
Markdown	8
LaTeX	8
Jeu de données	8
Résultats	9
Analyse de données RNA-seq	9
Application RShiny	10
Conclusion et perspectives	11
Bibliographie	12
Résumé	13
Abstract	13

Annexe 1 : Script R pour l’analyse RNAseq via DESeq2 **14**

Annexe 2 : Scripts R pour l’application Shiny **15**

 User Interface 15

 Server 16

 Fonctions 17

Introduction

Contexte

Aujourd'hui, la plupart des chercheurs n'ont en général pas le temps d'utiliser les outils permettant une analyse des données générées par les nouvelles technologies. C'est pour cela qu'il est important de leur offrir la possibilité d'avoir accès à des outils facilitant l'analyse et leur permettant d'être plus efficaces. Le but principal de notre projet est de mettre en place une application qui pourra aider ces scientifiques à explorer leurs résultats sous l'environnement R. Pour cela le package Shiny nous permet de créer une application web interactive.

Néanmoins, afin de créer une application interactive, nous avons besoin de quelques choses à montrer. Dans le domaine de la recherche médicale qui est le principal axe de recherche, les techniques de séquençage de seconde génération sont souvent utilisées. Ces techniques génèrent de nombreuses données qui ont besoin d'être explorées et analysées. Nous avons donc décidé de concentrer notre travail sur le séquençage de l'ARN (RNA-seq). Cette technique de séquençage de seconde génération a pour principal but de détecter des expressions différentielles entre des types cellulaires de différentes conditions.

Une analyse RNA-seq présente 3 grandes étapes :

- Fragmentation aléatoire des ARN matures
- Amplification de ces fragments par PCR
- Séquençage de ces fragments donnant des millions de reads

Analyse de données RNA-seq Les étapes de l'analyse RNA-seq présentées ci-dessous sont inspirées du mode d'emploi d'analyse de données RNA-seq sur le site bioinfo-fr.net.

Etape 1 : Les données

Etape 2 : Contrôle qualité

Etape 3 : Mapping

Etape 4 : Quantification

Etape 5 : Statistiques

Objectifs

Matériels et méthodes

Packages

Analyse RNAseq

DESeq2

gplot et ggrepel

Tidyverse

NMF

Création de l'application

Shiny

Shinydashboard

Autres

Rédaction du rapport

Markdown

LaTeX

Jeu de données

Résultats

Analyse de données RNA-seq

Application RShiny

Conclusion et perspectives

Bibliographie

1. Himes BE, Jiang X, Wagner P, et al. RNA-Seq transcriptome profiling identifies CRISPLD2 as a glucocorticoid responsive gene that modulates cytokine function in airway smooth muscle cells. PLoS One. 2014;9(6):e99625. Published 2014 Jun 13. doi: [10.1371/journal.pone.0099625](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099625)
2. Koch CM, Chiu SF, Akbarpour M, et al. A Beginner's Guide to Analysis of RNA Sequencing Data. Am J Respir Cell Mol Biol. 2018;59(2):145-157. doi: [10.1165/rcmb.2017-0430TR](https://doi.org/10.1165/rcmb.2017-0430TR)
3. Julien Delafontaine. (2013, septembre 11). Analyse de données RNA-seq : mode d'emploi. Consulté à l'adresse <https://bioinfo-fr.net/lanalyse-de-donnees-rna-seq-mode-demploi>
4. Bioconductor - Home. (2003). Consulté à l'adresse <https://www.bioconductor.org/>
5. Wickham, H. (2016). Mastering Shiny. Consulté à l'adresse <https://mastering-shiny.org/>

Résumé

Abstract

Annexe 1 : Script R pour l'analyse RNAseq via DESeq2

Annexe 2 : Scripts R pour l'application Shiny

User Interface

Server

Fonctions