

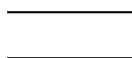
IIIème workshop du laboratoire BIOMOLIM - Immunoinformatique - Analyse du transcriptome par approches haut-débit.

null

29 mai au 2 juin - Auditorium de la faculté SNV-TU - Algérie.

Contents

Organisateurs	1
Equipe pédagogique	1
Objectifs	1
Site Web	2
Programme	2



Organisateurs

- Dr. Salvatore SPICUGLIA
- Pr. Mourad ARIBI

Equipe pédagogique

- Salvatore Spicuglia (Chercheur Inserm, TAGC, Marseille)
- Denis Puthier (Maitre de Conférences Aix-Marseille Université, TAGC, Marseille)
- Eve-Lyne Mathieu (Ingénieur de Recherche Inserm, TAGC, Marseille)
- Mohamed Belhocine (doctorant, Aix-Marseille Université, TAGC, Marseille)
- Yasmina Kermezli (doctorante, Université de Tlemcen)
- Wiam Saadi (doctorante, Université de Tlemcen)
- Lynda Klouche
- Djamel Smahi
- Warda Meziane
- Zeyneb Hadjidj
- Zineb Mekkaoui
- Sana Boualitabet Helal



Objectifs

Maîtriser les aspects bioinformatiques et expérimentaux de l'analyse du transcriptome à grande échelle.

- Stimulation d'une lignée lymphocytaire T par traitement PMA/Ionomycine.
- Analyse bioinformatique des données RNA-seq produites.
- Validation expérimentale par RT-PCR.

Site Web

Le site web du workshop est disponible sur github à l'adresse suivante:

- http://yasminekzl.github.io/Tlemcen_workshop_2016/index.html

Programme

Dimanche 29 Mai

Heure	Contenu
9h00-10h20	Mots d'ouverture (Pr. Mourad)
9h20-10h30	Présentation du workshop et introduction générale (Spicuglia/Mathieu/Puthier)
10h30-10h45	Pause café
10h45-12h00	Introduction à l'étude de l'ARN et les techniques associées (Spicuglia/Puthier)
12h00-13h30	Déjeuner
13h30-15h00	Traitement de données RNA-seq I (Puthier/Belhocine/Kermezli)
15h15-15h30	Pause café
15h30-18h00	Traitement de données RNA-seq II (Puthier/Belhocine/Kermezli)

Lundi 30 Mai

Heure	Contenu
9h00-10h30	Cours théorique sur la régulation épigénétique au cours du développement et des maladies (Spicuglia)
10h30-10h45	Pause café
10h45-12h00	Quantification de l'expression de gènes (Puthier/Belhocine/Kermezli)
12h00-13h30	Déjeuner
13h30-15h00	Identification de gènes différentiellement exprimés I (Puthier/Belhocine/Kermezli)
15h15-15h30	Pause café
15h30-18h00	Visualisation des données RNA-seq (Puthier/Belhocine/Kermezli). Comparaison avec les marques d'histone.

Mardi 31 Mai

Heure	Contenu
9h00-10h30	Cours théorique. LncRNAs
10h30-10h45	Pause café
10h45-12h00	Préparation du cDNA (Mathieu/Saadi)
12h00-13h30	Déjeuner
13h30-15h00	Etude de l'expression des gènes par PCR (Mathieu/Saadi)
15h15-15h30	Pause café
15h30-18h00	

Mercredi 01 juin

Heure	Contenu
9h00-10h30	Analyse de résultats de PCR par électrophorèse sur gel d'agarose (Mathieu/Saadi)
10h30-10h45	Pause café
10h45-12h00	Révélation de résultats (Mathieu/Saadi)
12h00-13h30	Déjeuner
13h30-15h00	Interprétation des résultats de PCR (Mathieu/Saadi)
15h15-15h30	Pause café
15h30-18h00	Etude des Voies de régulation affectées (Puthier/Belhocine/Kermezli)

Jeudi 02 Juin |Heure|Contenu |—|—- |9h00-10h30| Etude des Voies de régulation affectées (Puthier/Belhocine/Kermezli)
|10h30-10h45| Pause café |10h45-12h00| Comparaison de l'expression entre gènes codants et non codants?
|12h00-13h30| Déjeuner |13h30-15h00| Présentation des résultats |15h15-15h30| Pause café |15h30-18h00|
Conclusions |20h00| Dîner de clôture