Tlemcen Workshop.

Yasmine Kermezli, Denis Puthier, Eve-lyne Mathieu, Mourad Aribi Salvatore Spicuglia

2015-2016

Table of Contents

## Enseignants

* Denis Puthier (DP)

## Ressources

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Nom | Lien | Description |
| site web d'Illumina | <https://www.illumina.com/> | De nombreuses vidéo de présentation des technologies. |
| site web d'Oxford Nanopore | <https://www.nanoporetech.com/> | Présentation du MiION et des ses applications. |

## Cours théoriques

Vous trouverez ci-dessous des informations portant sur les concepts nécessaires à la réalisation des travaux dirigés.

|  |  |
| --- | --- |
| Nom | Description |
| [Les approches hauts-débit en génomique](slides/genomic-intro.pdf) | Les outils haut-débit et les challenges dans le domaine de la génomique. |
| [Une introduction au RNA-Seq](slides/rna-seq_2015-polytech.pdf) | Applications. Traitement des données RNA-Seq. |
| [Annotation des génomes](slides/CM3_annotation_des_genomes_JvH.pdf) | Annotation : des génomes aux voies métaboliques, en passant parfois par les données transcriptomiques |
| [Analyse statistique du transcriptome](slides/CM4_statistical_analysis_of_transcriptome.pdf) | Premiers éléments d'analyse statistique du transcriptome: (1) rappels des notions d'échantillonnage; (2) tests de comparaison de moyenne; (3) clustering. Sur base de biopuces, mais les TP incluront également quelques touches d'analyse de RNA-seq. |

## Travaux dirigés

Vous trouverez ci-dessous la liste des exercices réalisés.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Nom | Concepts traités | Outils |
| [Tutoriel RNA-Seq](practical/rna_seq_galaxy/rnaseq_td_galaxy.html) | Traitement de données RNA-Seq | Galaxy server, TopHat, FastQC, cufflinks, cuffmerge, IGV, samtool flagstat, UCSC genome Browser, UCSC table Browser, UCSC FTP web site, Ensembl gene search, R... |
| [R quick tour](practical/R_first_steps/quick_tour.html) | Opérations de base avec R (réalisée sous forme de démo durant les TP) | R, RStudio |
| [Transcriptome microarrays](practical/microarrays/denboer_data/) | Analyse des données de biopuces; détection de gènes exprimés de façon différentielles (DEG) entre sous-types de cancers. | R, RStudio |

### Fichiers de données

#### Den Boer 2009

|  |  |
| --- | --- |
| Contenu | Fichier |
| Table d'expression | [denboer2009\_GSE13425\_Norm\_Whole.tab.gz](practical/microarrays/denboer_data/denboer2009_GSE13425_Norm_Whole.tab.gz) |
| Sous-types d'échantillons | [denboer2009\_GSE13425\_sample\_subtype.tab](practical/microarrays/denboer_data/denboer2009_GSE13425_sample_subtype.tab) |
| Description des échantillons | [GSE13425\_phenoData.txt](practical/microarrays/denboer_data/GSE13425_phenoData.txt) |
|  |  |