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.

Table of Contents

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  |  |  |

## Comité d'organisation

* S. Spicuglia & Mourad Aribi.

## Equipe pédagogique

* Eve-Lyne Mathieu
* Yasmina Kermezli
* Denis Puthier
* Mohamed Belhocine
* Wiam Saadi
* 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 de données RNA-seq.
* Validation expérimentale par la technique de RT-PCR

## Programme

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Jour | Matin | Après-midi |
| Dimanche | Présentation du workshop et Introduction générale | Traitement des données RNA-Seq |
| Lundi | Régulation épigénétique en conditions physiologiques et pathologiques | Identification de gènes différentiellement exprimés |
| Mardi | Les LncRNAs: rôles régulateurs dans le système immunitaire | Etudes des voies de régulation affectées |
| Mercredi | Préparation des cDNAs | Etude de l'expression des gènes par PCR |
| Jeudi | Analyse de résultats PCR par électrophorèse sur gel. | Présentation des résultats. Conclusions. |

## Cours théoriques

Vous trouverez ci-dessous les présentations des différents intervenants.

|  |  |
| --- | --- |
| Nom | Description |
| [Présentation de D. Puthier](slides/rna-seq_2015-polytech.pdf) | Applications. Traitement des données RNA-Seq. |
| Présentation de S. Spicuglia | Régulation épigénétique |
| Analyse statistique du transcriptome | 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. |

## Phases pratiques

Vous trouverez ci-dessous des liens vers du matériel pédagogique utilisé dans le cadre des phases pratiques.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 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 |

## 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. |

### Fichiers de données