



Introduction à la bioinformatique

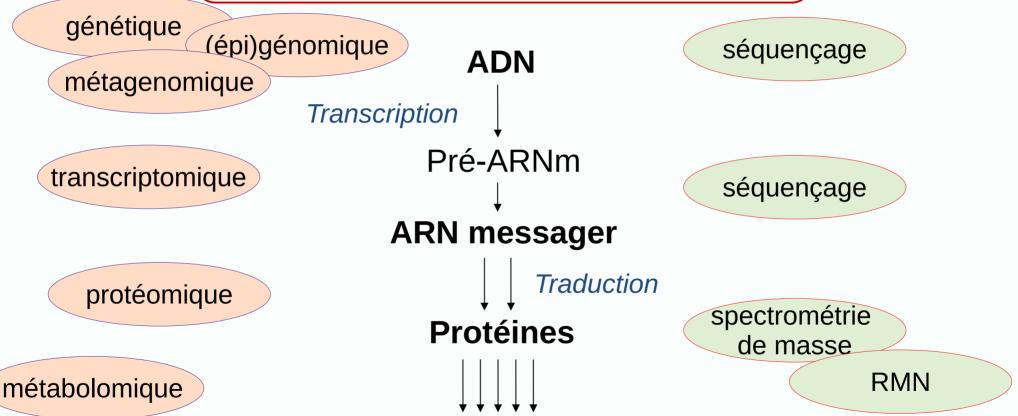
atelier du 07/12/2022

Magali Hennion Olivier Kirsh



bibs@parisepigenetics.com

Les sciences « omiques » étude globale



Métabolisme, constituants cellulaires...

Séquençage ADN

Qu'est-ce que le séquençage d'ADN?

→ Déterminer l'ordre des bases d'un fragment d'ADN

ATGCAGCGTTACCATG...

Comment ?
Depuis 2005, séquençage de 2nde génération -> très haut débit

Après le séquençage

Que faire avec les données ?

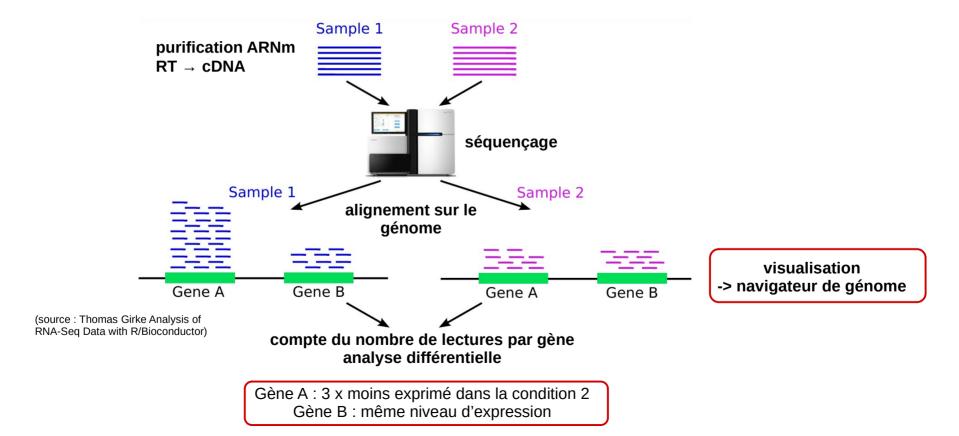


Fichier avec des dizaines ou centaines de millions de séquences...



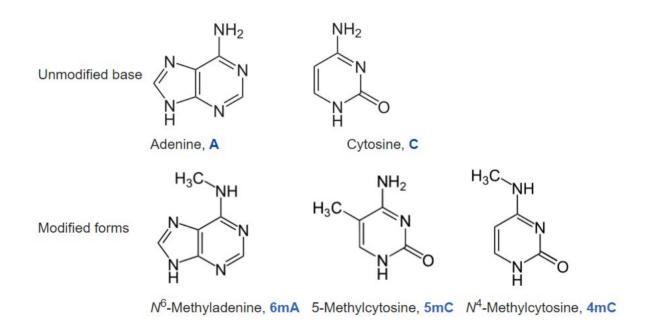
Transcriptomique

- assemblage *de novo* de transcriptomes de cellules, tissues et organismes
- quantification des transcrits dans différentes conditions



Epigénétique

Etude à l'échelle du génome des marques épigénétiques -> exemple de la méthylation de l'ADN



source: https://en.wikipedia.org/wiki/DNA methylation

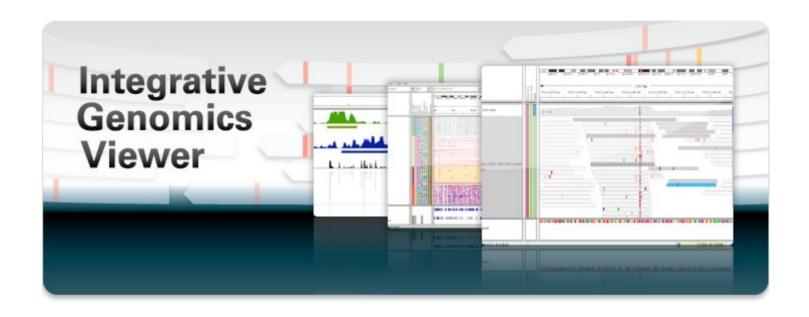
Méthylation des cytosines

Mammifères : CpG

Autres organismes : CHG ou CHH (H = A, T ou C)

source : Marthe Laisné

Visualisation des données

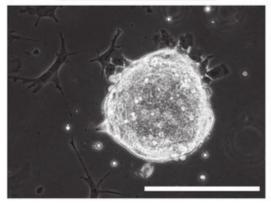


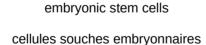
https://software.broadinstitute.org/software/igv/

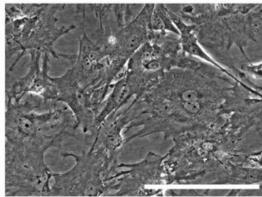
Comparaison de deux types cellulaires

ESC

MEF







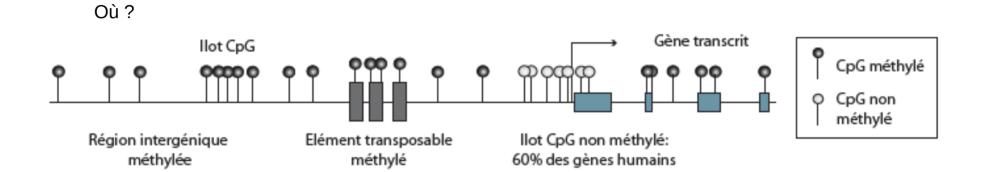
mouse embryonic fibroblasts

fibroblastes embryonnaires de souris

Boraas et al. 2016. PLoS ONE

Partie pratique!

Méthylation des cytosines chez les mammifères



Comment?

Enzymes

- DNMT (DNA methyl-transferase)
- TET (ten-eleven-translocation)

source : Marthe Laisné

Méthylation des cytosines chez les mammifères

Quand?

