



UMR7216

Epigénétique &
Destin Cellulaire



Introduction à la bioinformatique

atelier du 07/12/2022

Magali Hennion
Olivier Kirsh



bibs@parisepigenetics.com

Les sciences « omiques » étude globale

génomique

(épi)génomique

métagenomique

séquençage

transcriptomique

ADN

Transcription

Pré-ARNm

ARN messenger

protéomique

Traduction

Protéines

séquençage

spectrométrie
de masse

métabolomique

RMN

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 2^{de} génération

-> très haut débit

Après le séquençage

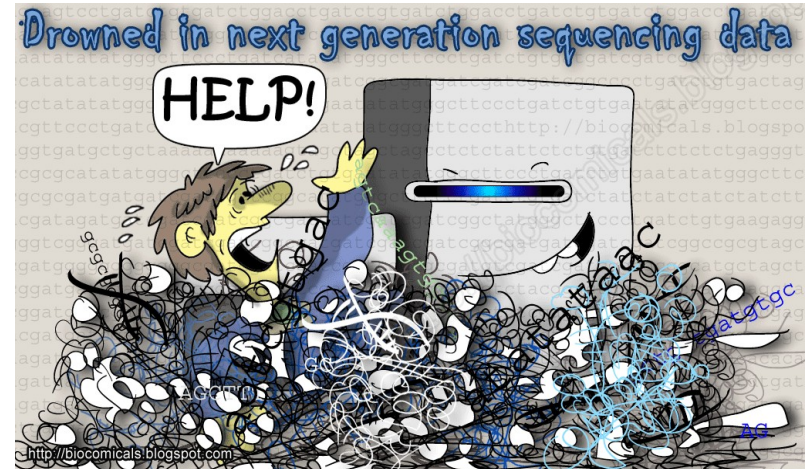
Que faire avec les données ?



ExperimentX_R1.fastq.gz

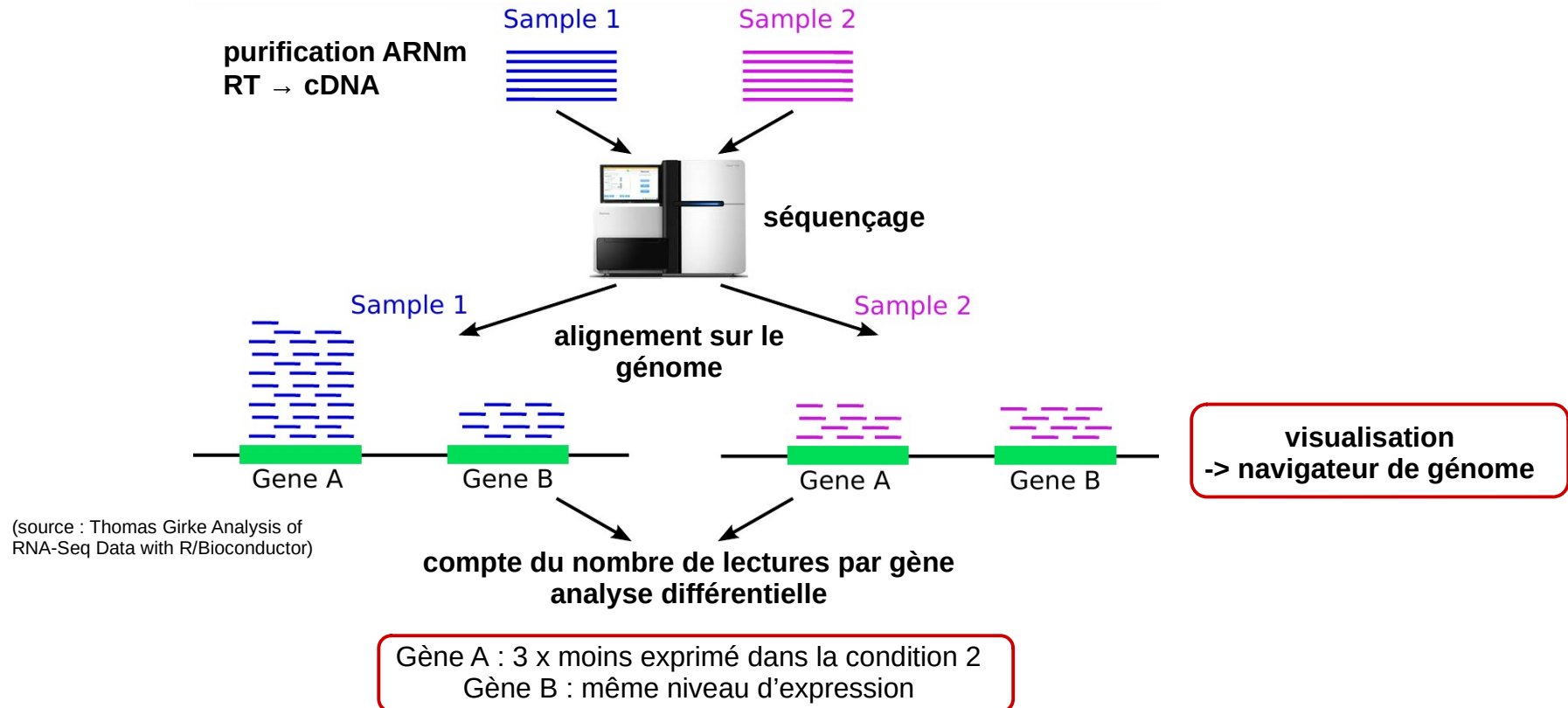
[illegible]

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



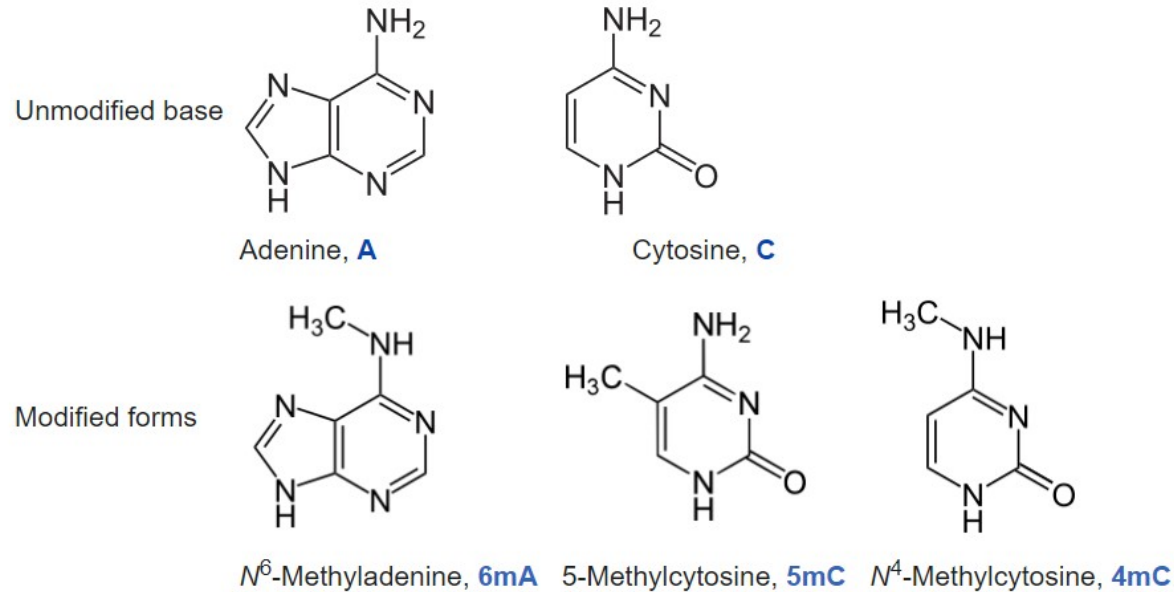
Transcriptomique

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



Épigénétique

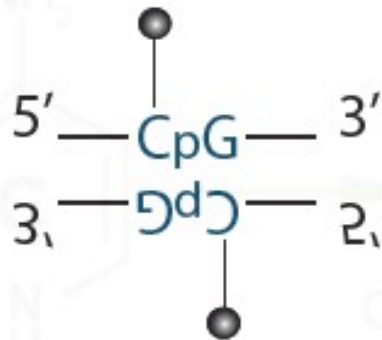
Etude à l'échelle du génome des marques épigénétiques
-> exemple de la méthylation de l'ADN



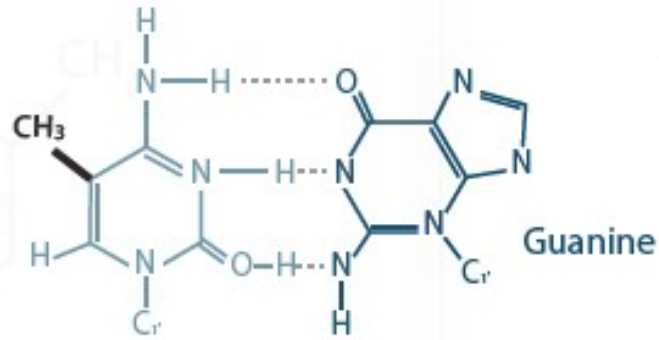
Méthylation des cytosines

Mammifères : CpG

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



Cytosine
méthylée



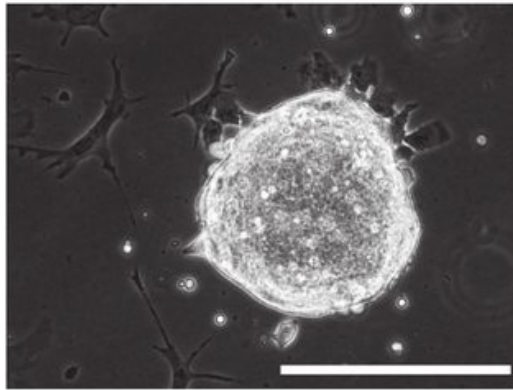
Visualisation des données



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

Comparaison de deux types cellulaires

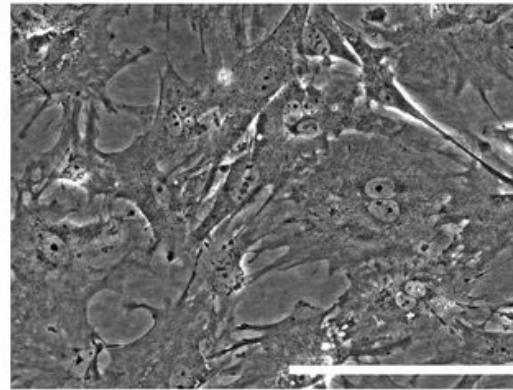
ESC



embryonic stem cells

cellules souches embryonnaires

MEF



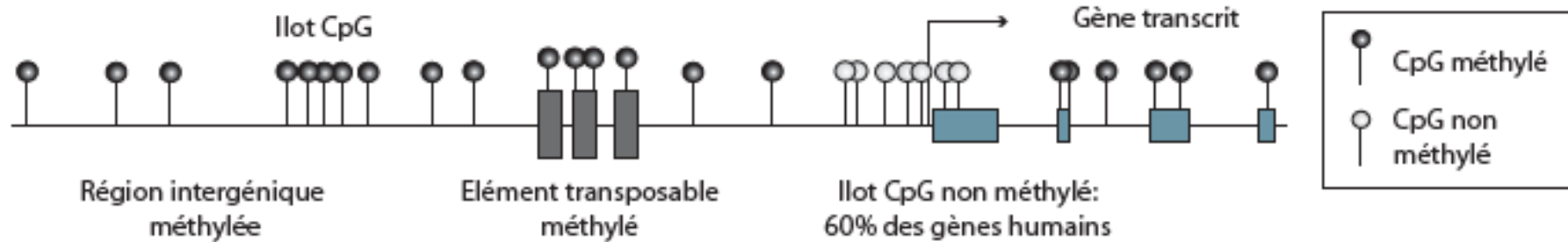
mouse embryonic fibroblasts

fibroblastes embryonnaires de souris

Boraas et al. 2016. PLoS ONE

Méthylation des cytosines chez les mammifères

Où ?



Comment ?

Enzymes

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

Méthylation des cytosines chez les mammifères

Quand ?

