



## WP 2.6 : Gene regulation

Claire Rioualen

# Objectifs

- Développement de **workflows** pour l'analyse de ChIP-seq
- Evaluation de la pertinence biologique des pics de ChIP-seq
- Déploiement d'une **machine virtuelle** dédiée à l'analyse de la régulation
- Développement de matériel de **formation**
- Participation à des formations
- Catalogue des ressources bioinformatiques en matière de ChIP-seq
- Identification des acteurs impliqués dans l'analyse ChIP-seq

# Développement de workflows sous Snakemake



- **python** library for building workflows
- inherits concepts from the **GNU make** software:
  - **target** files or operations to be performed
  - **rules** describing how to produce these targets
- operations can be done in **python**, **R**, **shell** languages
- dependencies between rules are defined by their **inputs** and **outputs**
- **wildcards** can be used for automatization

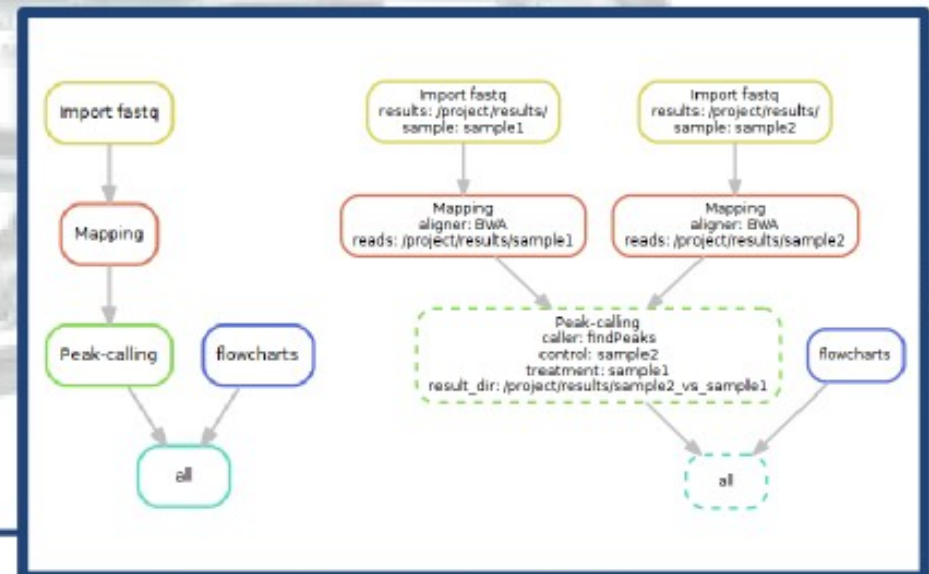
## Workflow example

```
## workflow.py
SAMPLES = ["sample1", "sample2"]
CHIP = "sample2"
CONTROL = "sample1"

rule all:
    input:
        expand("{sample}.bam", sample = SAMPLES)
        expand("{chip}_vs_{control}",
              chip = CHIP, control = CONTROL)

rule mapping:
    input: "{file}.fastq"
    output: "{file}.bam"
    shell: "bowtie {input} > {output}"

rule peak_calling:
    input: chip = "{chip}.bam", control = "{chip}.bam"
    output: "{file}.bam"
    shell: "macs2 {input.chip} {input.control} > {output}"
```

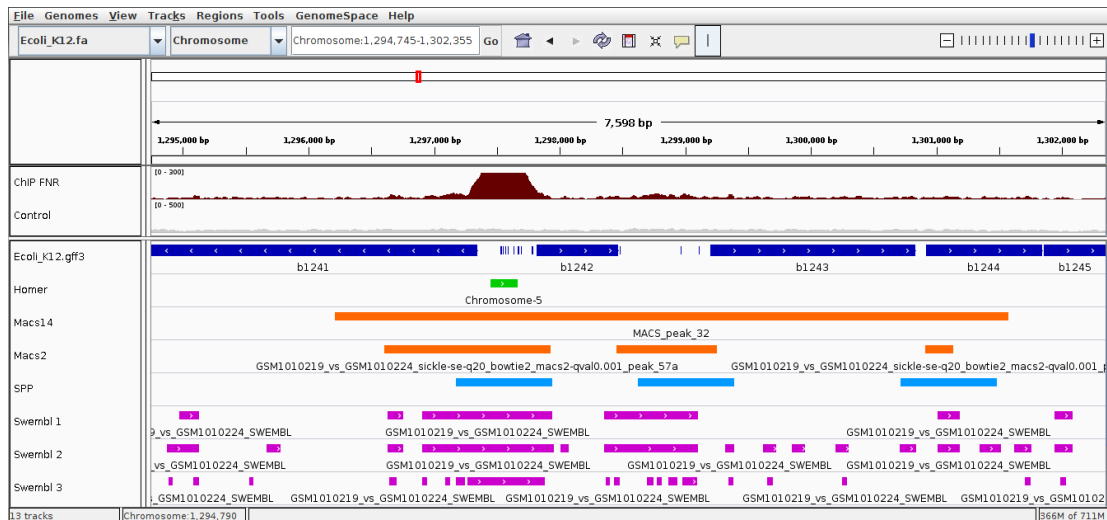
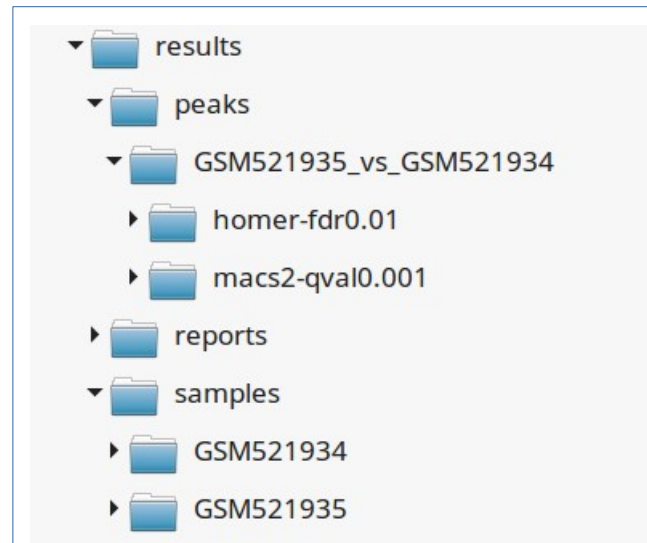
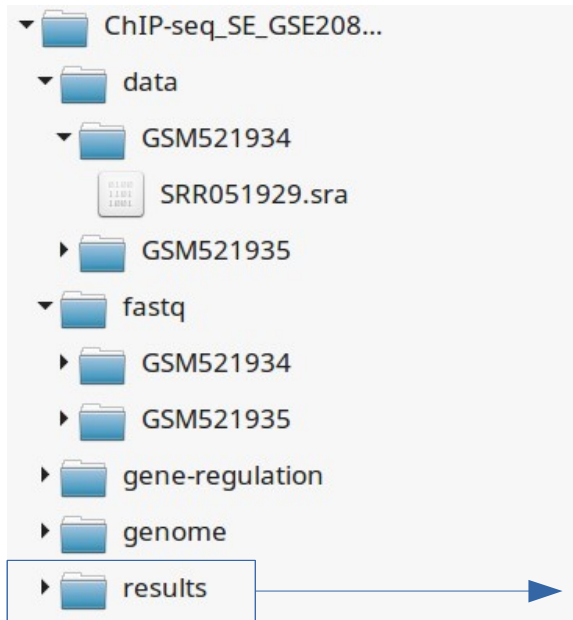


# Développement de workflows sous Snakemake



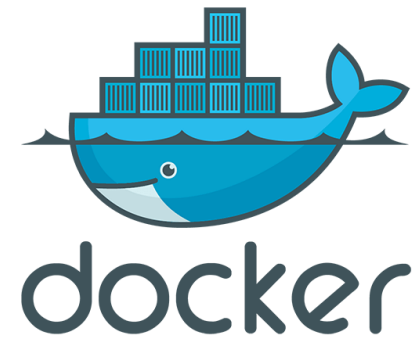
- Workflows recyclables:
  - ChIP-seq
  - RNA-seq
- Règles recyclables:
  - Mapping (bowtie, subread, tophat...)
  - Peak-calling (macs2, homer, swembl...)
- Organisation des données/projets:
  - 1 fichier “samples”
  - 1 fichier “design”
  - 1 fichier de configuration

# Développement de workflows sous Snakemake



# Développement de machines virtuelles

- Contrôler l'environnement d'exécution d'un workflow
- Fournir une solution “clés en main” avec tous les programmes et dépendances inclus:
  - Système d'exploitation (Ubuntu 14.04)
  - Outils de programmation
  - Outils pour l'analyse NGS (peak-calling, mapping etc)
  - Dépôt snakemake gene-regulation



# Tutoriels

- Premiers pas avec Snakemake
- Installation d'outils NGS
- Création d'une VM gene-regulation sous VirtualBox
- Création & utilisation d'une image Docker gene-regulation
- Utilisation de l'appliance gene-regulation sur le cloud IFB
- Création d'une appliance sur le cloud IFB
- Accès public :



 [rioualen](#) / **gene-regulation**



PUBLIC | AUTOMATED BUILD

[rioualen/gene-regulation](#) ☆



# Publications

## Protocol

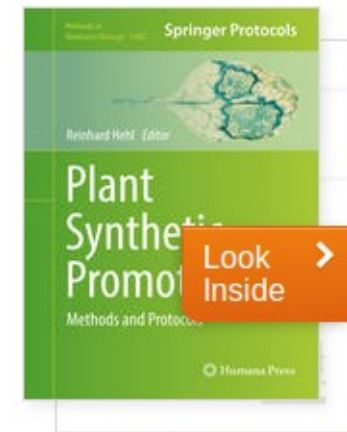
Plant Synthetic Promoters

Volume 1482 of the series Methods in Molecular Biology pp 297-322

Date: 25 August 2016

## RSAT::Plants: Motif Discovery in ChIP-Seq Peaks of Plant Genomes

[Jaime A. Castro-Mondragon](#) , [Claire Rioualen](#) , [Bruno Contreras-Moreira](#), [Jacques van Helden](#) 



## Protocol

Plant Synthetic Promoters

Volume 1482 of the series Methods in Molecular Biology pp 279-295

Date: 25 August 2016

## RSAT::Plants: Motif Discovery Within Clusters of Upstream Sequences in Plant Genomes

[Bruno Contreras-Moreira](#)  , [Jaime A. Castro-Mondragon](#), [Claire Rioualen](#), [Carlos P. Cantalapiedra](#), [Jacques van Helden](#)





# Formations & Collaborations

- Automated and Reproducible Analysis of NGS data (ARANGS15) (Oeiras, Portugal, mai 2015)
- École de Bioinformatique AVIESAN (Roscoff, septembre 2015)
- Assemblée générale France Génomique : présentation poster (Paris, novembre 2015)
- Invitation au centre de Sciences Génomiques (Cuernavaca, Mexique, juin 2016)
  - Réflexion autour de l'intégration à grande échelle de données NGS dans la base de données RegulonDB
- Poster présenté à JOBIM (Lyon, juin 2016)
- Organisation de réunions Snakemake

# Pistes de réflexion

- Analyse ChIP-seq
  - Choix d'un peak-caller, combinaison de plusieurs ?
  - Mise à jour des outils
  - Annotation fonctionnelle
- Communauté ChIP-seq
  - Faire vivre cette communauté ?
  - Éditer un wiki : un travail collaboratif
- Communauté Snakemake
  - Organisation de workshops, hack-a-thons...

- Jacques van Helden
- Lucie Khamvongsa-Charbonnier
- Jaime Castro-Mondragon

**Regulon** 

- Julio Collado-Vides
- Alberto Santos-Zavaleta
- Mishael Sánchez-Pérez

