

**PROGRAMME ECOLE DE BIOINFORMATIQUE 14/18 JANVIER 2013  
INITIATION AU TRAITEMENT DES DONNEES DE GENOMIQUE  
OBTENUES PAR SEQUENÇAGE A HAUT DEBIT**

**Dimanche 13 janvier 2013**

19h30 : Dîner au Gulf Stream (pour ceux qui arrivent le dimanche)

Les participants sont séparés en deux groupes : **Groupe 1** : ateliers RNA-seq / ChIP-seq/miRNA

**Groupe 2** : atelier SNPs, détection de variants, détection de CNV

**Les activités de cette journée sont communes aux 2 groupes**

<b>Lundi 14</b>	
9h	Accueil café à l'Hôtel de France (1 <sup>er</sup> ét.) - Vérification et installation des portables (salle 2)
10h25	Accueil – Informations générales sur le déroulement de l'école
10h30	Introduction de Bernard Kloareg, directeur de la Station biologique de Roscoff
10h45	Introduction sur le séquençage : technologies disponibles, types de librairies (T. Grange, C. Thermes)
11h45	Introduction sur les formats de fichiers, traitement des adaptateurs (O. Inizan, A. Lermine)
12h45	Pause déjeuner (13h déjeuner)
14h15	Read mapping ; logiciels/algorithmes (M. Zytnicki)
15h15	Cours sur la normalisation, expression différentielle, significativité, réplicats (J. Aubert)
16h15	Introduction générale sur Galaxy (O. Inizan, A. Lermine)
16h45	Pause café - Vérification et installation portables (suite, salle 2)
17h15	<b>TP prise en main de Galaxy</b> (salle 3) (N. Choisne, S. Gallina, O. Inizan, A. Lermine, D. Naquin, J. van Helden, M. Zytnicki) : Exercices (mapping, etc.)
19h15	Fin de session
19h30	Dîner

**PROGRAMME DU GROUPE 1 (SALLE 3)**

<b>Mardi 15</b>	<b>Atelier RNA-seq</b> (C. Chen, E. Corre, J. Guégan, Y. Luo, D. Naquin, M. Zytnicki)
8h45	Récupération des données, présentation et utilisation des outils (TopHat, DESeq)
10h15	Pause café
10h45	Utilisation de Cufflinks, assemblage de transcrits
12h45	Pause déjeuner (13h déjeuner)
14h15	Expression différentielle, calcul de p-value avec réplicats, visualisation des résultats (Gbrowse, IGV)
16h45	Pause café
17h15	TP workflow, analyse des résultats (SMART)
19h15	Fin de session
19h30	Dîner

<b>Mercredi 16</b>	<b>Ateliers RNA-seq et ChIP-seq</b>
8h45	<b>Atelier RNA-seq</b> (W. Carré, A. Cormier, E. Corre, G. Le Corguillé, P. Péricard) Transcriptome sans génome de référence, introduction à Trinity
10h15	Pause café
10h45	<b>Atelier ChIP-seq</b> (M. Defrance, Carl Hermann, Denis Puthier, N. Servant, J. van Helden) Peak-calling (MACS, FindPeaks, SWEMBL)
13h	Fin de session - Départ visite touristique île de Batz avec pique-nique
18h	Navette retour
19h	Dîner
20h	<b>Atelier ChIP-seq</b> (M. Defrance, Carl Hermann, Denis Puthier, N. Servant, J. van Helden, )
21h30	Fin de session

<b>Jeudi 17</b>	<b>Ateliers ChIP-seq et miRNAs</b>
8h45	<b>Atelier ChIP-seq</b> (M. Defrance, Carl Hermann, Denis Puthier, N. Servant, J. van Helden) Recherche de motifs (RSAT, ChipMunk, MEME-chip, CENTRIMO), étude de qualité des pics (RSAT)
10h15	Pause café
10h45	Annotation fonctionnelle des pics (UCSC, GREAT, CEAS,...), comparaison avec des marques chromatinienne (UCSC)
12h45	Pause déjeuner (13h déjeuner)
14h15	<b>Atelier miRNAs</b> (W. Carré, C. Gaspin, S. Maman) Introduction sur les miRNAs (C. Gaspin)
15h15	Nettoyage des données
16h45	Pause café
17h15	Utilisation de MirDeep2, recherche de nouveaux miRNAs
19h15	Fin de session
19h30	Dîner de gala

<b>Vendredi 18</b>	<b>Analyse des données des participants</b>
8h45	Analyse des données des participants (W. Carré, C. Chen, A. Cormier, E. Corre, , M. Defrance, S. Gallina, J. Guégan, Carl Hermann, G. Le Corguillé, S. Marthey, D. Naquin, Denis Puthier, P. Péricard, S. Rodriguez, J. van Helden )
10h15	Pause café
10h45	Analyse des données des participants (suite)
12h45	Pause déjeuner (13h déjeuner)
14h15	Analyse des données des participants (suite)
16h45	Pause café
17h15	Analyse des données des participants (suite)
19h15	Fin de session
19h30	Dîner Fin de l'école

**PROGRAMME DU GROUPE 2 (SALLE 2)**

<b>Mardi 15</b>	<b>Détection de SNPs</b> (F. Alfama, N. Choisne, S. Gallina, O. Inizan, N. Mohellibi)
8h45	Outils de pré-traitement, traitement des duplicats, filtrage des reads courts
10h15	<i>Pause café</i>
10h45	Présentation de MAPHITS, (mapping avec BWA, Pileup, VarScan..)
12h45	<i>Pause déjeuner (13h déjeuner)</i>
14h15	Outils de post-traitement : comptages, extraction et filtrage de reads, VarScan
16h45	<i>Pause café</i>
17h15	Extraction des SNPs, filtres, SNPs hétérozygotes
19h15	Fin de session
19h30	<i>Dîner</i>

<b>Mercredi 16</b>	<b>Détection de SNPs</b> (M. Bernard, S. Marthey, S. Rodriguez)
8h45	Présentation de GATK
10h15	<i>Pause café</i>
10h45	Annotation fonctionnelle des SNP
13h	<i>Fin de session - Départ visite touristique île de Batz</i>
18h	<i>Navette retour</i>
19h30	<i>Dîner</i>

<b>Jeudi 17</b>	<b>Détection de variants, détection de CNV</b>
8h45	Présentation de SVdetect (B. Zeitouni)
10h15	<i>Pause café</i>
10h45	Présentation de SVdetect (suite)
12h45	<i>Pause déjeuner (13h déjeuner)</i>
14h15	<b>Détection de CNV</b>
	Méthodes statistiques de détection de CNV (Stéphane Robin)
15h15	Détection de CNV (Bastien Job)
16h45	<i>Pause café</i>
17h15	Détection de CNV (suite)
18h15	Fin de session
19h30	<i>Dîner de gala</i>

<b>Vendredi 18</b>	<b>Analyse des données des participants</b>
8h45	Analyse des données des participants (W. Carré, C. Chen, A. Cormier, E. Corre, S. Gallina, J. Guégan, Carl Hermann, G. Le Corquillé, S. Marthey, D. Naquin, Denis Puthier, P. Péricard, S. Rodriguez, J. van Helden )
10h15	<i>Pause café</i>
10h45	Analyse des données des participants (suite)
12h45	<i>Pause déjeuner (13h déjeuner)</i>
14h15	Analyse des données des participants (suite)
16h45	<i>Pause café</i>
17h15	Analyse des données des participants (suite)
19h15	Fin de session
19h30	<i>Dîner</i>
	<i>Fin de l'école</i>