

# Programme de l'école de bioinformatique AVIESAN (Roscoff, 17/22 Novembre 2013)

## Initiation au traitement des données de génomique obtenues par séquençage à haut débit

Version du 19/11/13

Site Web de support: [http://biow.sb-roscoff.fr/ecole\\_bioinfo/](http://biow.sb-roscoff.fr/ecole_bioinfo/)

Programme avec liens vers supports: [http://biow.sb-roscoff.fr/ecole\\_bioinfo/html/programme\\_2013-11.html](http://biow.sb-roscoff.fr/ecole_bioinfo/html/programme_2013-11.html)

Du mardi au jeudi, les participants sont séparés en deux groupes:

- **G1** : ateliers RNA-seq / ChIP-seq / miRNA
- **G2** : ateliers SNP, variants, CNV

<b>G1+G2</b>		<i>Dimanche 17 Novembre</i>
17:00	<i>De 17h à 19h : Accueil à l'Hôtel de France (1er ét.) - Installation des ordinateurs personnels (salle 2) (Equipes organisation + support informatique)</i>	
19:30	<i>Dîner d'accueil</i>	

<b>G1+G2</b>		<i>Lundi 18 Novembre</i>
8:30	<i>Accueil à l'Hôtel de France (1er ét.) (Equipe organisation)</i>	
9:30	Informations générales sur le déroulement de l'école ( <b>C. Thermes, C. Lemaitre</b> )	
9:45	Présentation de la station biologique de Roscoff ( <b>Bernard Kloareg</b> , directeur de la Station biologique de Roscoff)	
10:00	Introduction sur le séquençage: technologies disponibles, types de librairies, applications ( <b>C. Thermes, T. Grange</b> )	
11:00	<i>Pause café</i>	
11:20	Introduction aux formats de fichiers, traitement des adaptateurs ( <b>O. Inizan, A. Lermine</b> )	
12:00	Introduction générale à Galaxy ( <b>O. Inizan, A. Lermine</b> )	
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
12:45	<i>Pause déjeuner</i>	
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>	
14:00	Read mapping ; logiciels/algorithmes ( <b>M. Zytnicki</b> )	
15:00	Cours sur la normalisation, expression différentielle, significativité, répliqués ( <b>J. Aubert</b> )	
16:00	Introduction à une solution Galaxy/cloud ( <b>C. Blanchet</b> )	
16:30	<i>Pause café</i>	
17:00	TP prise en main de Galaxy ( <b>A. Lermine, O. Inizan, M. Deloger, S. Gallina, G. Le Corguillé, P. Pericard, M. Zytnicki</b> )	
19:15	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
19:30	<i>Dîner</i>	
21:00	(Cours facultatif) Mise à niveau en statistiques; concepts de bases récurrents en analyse de données NGS ( <b>J. van Helden</b> )	

<b>G1</b>		<b>Mardi 19 Novembre</b>	
8:30	ChIP-seq: normalisation et peak-calling ( <b>C. Herrmann</b> , D. Puthier, J. van Helden, M. Thomas-Chollier, M. Defrance)		
9:10	TP - read mapping et peak calling ( <b>D. Puthier</b> , C. Herrmann, J. van Helden, M. Thomas-Chollier, M. Defrance)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	TP - read mapping et peak calling - suite ( <b>D. Puthier</b> , C. Herrmann, J. van Helden, M. Thomas-Chollier, M. Defrance)		
11:00	Annotation fonctionnelle des pics ( <b>C. Herrmann</b> , D. Puthier, J. van Helden, M. Thomas-Chollier, M. Defrance)		
12:00	Debriefing et discussion ( <b>C. Herrmann</b> , <b>D. Puthier</b> , <b>M. Defrance</b> , J. van Helden, M. Thomas-Chollier)		
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
12:45	<i>Pause déjeuner</i>		
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>		
14:00	Découverte de motifs ( <b>J. van Helden</b> , C. Herrmann, D. Puthier, M. Thomas-Chollier, M. Defrance)		
15:30	Evaluation de la qualité des pics sur base de la densité de reads ( <b>M. Thomas-Chollier</b> )		
15:45	Evaluation de la qualité des pics sur base de la richesse en motifs ( <b>J. van Helden</b> , M. Thomas-Chollier, C. Herrmann, D. Puthier, M. Defrance)		
16:30	<i>Pause café</i>		
16:50	Interprétation des données de ChIP-seq et ChIP-exo ( <b>M. Thomas-Chollier</b> , C. Herrmann, D. Puthier, J. van Helden, M. Defrance)		
17:30	Analyse combinée de ChIP-seq et RNA-seq ( <b>M. Defrance</b> , M. Thomas-Chollier, C. Herrmann, D. Puthier, J. van Helden)		
18:00	Atelier RNA-seq / Récupération des données, présentation et utilisation des outils (TopHat, DESeq) (C. Chen, C. Billerey, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Deloger, M. Zytnicki)		
19:15	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
19:30	<i>Dîner</i>		
21:00	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)		

<b>G2</b>		<b>Mardi 19 Novembre</b>	
8:30	Pré-traitement des données exome-seq ( <b>O. Inizan</b> , M. Bernard, S. Gallina, E. Girard, B. Job, N. Servant)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Alignement des données exome-seq ( <b>E. Girard</b> , M. Bernard, S. Gallina, B. Job, N. Servant)		
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
12:45	<i>Pause déjeuner</i>		
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>		
14:00	Détection de variants ( <b>S. Marthey</b> , M. Bernard, S. Gallina, E. Girard, B. Job, N. Servant)		
16:30	<i>Pause café</i>		
16:50	Détection de variants ( <b>E. Girard</b> , M. Bernard, S. Gallina, B. Job, S. Marthey, N. Servant)		
19:15	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
19:30	<i>Dîner</i>		
21:00	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)		

<b>G1</b>		<b>Mercredi 20 Novembre</b>	
8:30	Utilisation de Cufflinks, assemblage de transcrits ( <b>C. Chen</b> , C. Billerey, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Deloger, M. Zytnicki)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Expression différentielle, calcul de p-value avec réplicats, visualisation des résultats (Gbrowse, IGV) ( <b>C. Chen</b> , C. Billerey, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Deloger, M. Zytnicki)		
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
12:45	<i>Pause déjeuner</i>		
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>		
14:00	TP workflow, analyse des résultats (SMART) ( <b>M. Zytnicki</b> , C. Billerey, C. Chen, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Deloger)		
15:00	Transcriptome sans génome de référence, intro. à Trinity ( <b>A. Cormier</b> , E. Corre, G. Le Corguillé, P. Péricard) au choix pour G1 et G2		
17:00	<i>Soirée libre</i>		
20:00	<i>Dîner</i>		

<b>G2</b>		<b>Mercredi 20 Novembre</b>	
8:30	Extraction des SNPs, filtres, SNPs hétérozygotes ( <b>S. Gallina</b> , M. Bernard, E. Girard, B. Job, N. Servant)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Annotation fonctionnelle des variants ( <b>M. Bernard</b> , S. Gallina, E. Girard, B. Job, S. Rodriguez, N. Servant)		
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
12:45	<i>Pause déjeuner</i>		

13:45	Retour à l'Institut
14:00	Annotation fonctionnelle des variants ( <b>M. Bernard</b> , S. Gallina, E. Girard, B. Job, S. Rodriguez, N. Servant)
15:00	Détection de variants à partir de données RNA-seq ( <b>E. Girard</b> , M. Bernard, S. Gallina, B. Job, N. Servant) au choix pour G1 et G2
17:00	Soirée libre
20:00	Dîner

<b>G1</b>		<b>Jeudi 21 Novembre</b>
8:30	Introduction aux miRNA ( <b>Christine Gaspin</b> )	
10:00	Pause café	
10:20	Nettoyage des données ( <b>C. Gaspin</b> , S. Maman, I. Nabihoudine, O. Rué)	
11:20	Gestion de la redondance et alignement des reads ( <b>C. Gaspin</b> , S. Maman, I. Nabihoudine, O. Rué)	
12:30	Déplacement vers le restaurant	
12:45	Pause déjeuner	
13:45	Retour à l'Institut	
14:00	Prédiction de miRNA avec MirDeep2 et autres outils ( <b>C. Gaspin</b> , S. Maman, I. Nabihoudine, O. Rué)	
15:30	Annotation des reads : miRNA et autres ncRNA ( <b>C. Gaspin</b> , S. Maman, I. Nabihoudine, O. Rué)	
16:30	Pause café	
16:50	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)	
19:00	Déplacement vers le restaurant	
19:15	Apéritif et Dîner festif	
21:00	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)	

<b>G2</b>		<b>Jeudi 21 Novembre</b>
8:30	Présentation de SVDetect ( <b>V. Boeva</b> , A. Lermine, N. Servant)	
10:00	Pause café	
10:20	Présentation de SVDetect (suite) ( <b>V. Boeva</b> , A. Lermine, N. Servant)	
12:20	Déplacement vers le restaurant	
12:35	Pause déjeuner	
13:45	Retour à l'Institut	
14:00	Méthodes statistiques de détection de CNV ( <b>E. Lebarbier</b> )	
15:30	Présentation de Control-FREEC ( <b>V. Boeva</b> , B. Job)	
16:30	Pause café	
16:50	Présentation de Control-FREEC (suite) (V. Boeva, B. Job)	
18:30	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)	
19:00	Déplacement vers le restaurant	
19:15	Apéritif et Dîner festif	
21:00	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)	

<b>G1+G2</b>		<b>Vendredi 22 Novembre</b>
8:30	Analyse des données des participants (M. Bernard, V. Boeva, C. Billerey, C. Chen, A. Cormier, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Defrance, M. Deloger, S. Gallina, C. Gaspin, E. Girard, B. Job, G. Le Corguillé, A. Lermine, S. Marthey, I. Nabihoudine, D. Puthier, P. Péricard, N. Servant, C. Thermes, J. van Helden, M. Zytnicki)	
10:00	Pause café	
10:20	Analyse des données des participants (suite)	
12:30	Déplacement vers le restaurant	
12:45	Pause déjeuner	
13:45	Retour à l'Institut	
14:00	Analyse des données des participants (suite)	
16:00	Pause café	
16:20	Analyse des données des participants (suite)	
18:00	Evaluation de l'atelier / remise des questionnaires d'évaluation	
19:15	Déplacement vers le restaurant	
19:30	Dîner de clôture	