

# 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

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>		<b>Dimanche 17 Novembre</b>
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>		<b>Lundi 18 Novembre</b>
8:30	<i>Accueil à l'Hôtel de France (1er ét.) (Equipe organisation)</i>	
9:30	Informations générales sur le déroulement de l'école (C. Thermes)	
9:45	Présentation de la station biologique de Roscoff (Bernard Kloareg, directeur de la Station biologique de Roscoff)	
10:00	Introduction sur le séquençage: technologies disponibles, types de librairies, applications (C. Thermes, T. Grange)	
11:00	<i>Pause café</i>	
11:20	Introduction aux formats de fichiers, traitement des adaptateurs (O. Inizan, A.Lermine)	
12:00	Introduction générale à Galaxy (O. Inizan, A. Lermine)	
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/algothmes (M. Zytnicki)	
15:00	Cours sur la normalisation, expression différentielle, significativité, répliqués (J. Aubert)	
16:00	Introduction à une solution Galaxy/cloud (C. Blanchet)	
16:30	<i>Pause café</i>	
17:00	TP prise en main de Galaxy (C. Chen, S. Gallina, O. Inizan, G. Le Corguillé, A. Lermine, P. Pericard, J. van Helden, M. Zytnicki)	
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 (J. van Helden)	

<b>G1</b>		<b>Mardi 19 Novembre</b>	
8:30	Peak-calling (MACS, FindPeaks, SWEMBL) (M. Defrance, C. Herrmann, D. Puthier, M. Thomas-Chollier, J. van Helden)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Découverte de motifs (M. Defrance, C. Herrmann, D. Puthier, M. Thomas-Chollier, J. van Helden)		
11:20	Annotation fonctionnelle des pics (C. Herrmann)		
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>		
12:45	<i>Pause déjeuner</i>		
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>		
14:00	Analyse des marques chromatiniennes (M. Defrance, C. Herrmann, D. Puthier, M. Thomas-Chollier, J. van Helden)		
15:30	Interprétation des données de ChIP-seq et ChIP-exo (M. Thomas-Chollier)		
16:30	<i>Pause café</i>		
16:50	Evaluation de la qualité des résultats de ChIP-seq (J. van Helden)		
17:30	Analyse combinée de ChIP-seq et RNA-seq (M. Defrance, C. Herrmann, D. Puthier, M. Thomas-Chollier, J. van Helden)		
18:00	Atelier RNA-seq / Récupération des données, présentation et utilisation des outils (TopHat, DESeq) (C. Chen, 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 (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, N. Servant)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Alignement des données exome-seq (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, 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 (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, S. Marthey, N. Servant)		
16:30	<i>Pause café</i>		
16:50	Détection de variants (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, 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 (C. Chen, 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) (C. Chen, 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) (C. Chen, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, M. Deloger, M. Zytnicki)		
15h00	Transcriptome sans génome de référence, intro. à Trinity (A. Cormier, E. Corre, G. Le Corguillé, P. Péricard) au choix pour G1 et G2		
17:00	<i>Soirée libre</i>		

<b>G2</b>		<b>Mercredi 20 Novembre</b>	
8:30	Extraction des SNPs, filtres, SNPs hétérozygotes (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, N. Servant)		
10:00	<i>Pause café</i>		
10:20	Annotation fonctionnelle des variants (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, 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	Annotation fonctionnelle des variants (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, N. Servant)		
15:00	Détection de variants à partir de données RNA-seq (M. Bernard, R. Daveau, S. Gallina, E. Girard, B. Job, Y. Luo, N. Servant) au choix pour G1 et G2		
17:00	<i>Soirée libre</i>		

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

<b>G2</b>		<b>Jeudi 21 Novembre</b>
8:30	Présentation de SVDetect (V. Boeva, A. Lermine, N. Servant)	
10:00	<i>Pause café</i>	
10:20	Présentation de SVDetect (suite) (V. Boeva, A. Lermine, N. Servant)	
12:20	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
12:35	<i>Pause déjeuner</i>	
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>	
14:00	Méthodes statistiques de détection de CNV (S. Robin)	
15:30	Présentation de Control-FREEC (V. Boeva, B. Job)	
16:30	<i>Pause café</i>	
16:50	Présentation de Control-FREEC (suite) (V. Boeva, B. Job)	
18:30	Interaction des participants avec leurs tuteurs (tous les formateurs)	
19:15	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
19:30	<i>Dîner festif</i>	
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. Chen, A. Cormier, E. Corre, Y. d'Aubenton-Carafa, R. Daveau, M. Defrance, M. Deloger, S. Gallina, E. Girard, B. Job, C. Herrmann, O. Inizan, G. Le Corguillé, A. Lermine, Y. Luo, S. Marthey, S. Maman, D. Puthier, P. Péricard, N. Servant, C. Thermes, M. Thomas-Chollier, J. van Helden, M. Zytynicki)	
10:00	<i>Pause café</i>	
10:20	Analyse des données des participants (suite)	
12:30	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
12:45	<i>Pause déjeuner</i>	
13:45	<i>Retour à l'Institut</i>	
14:00	Analyse des données des participants (suite)	
16:00	<i>Pause café</i>	
16:20	Analyse des données des participants (suite)	
18:45	Evaluation de l'atelier / remise des questionnaires d'évaluation	
19:15	<i>Déplacement vers le restaurant</i>	
19:30	<i>Dîner de clôture</i>	