

Le réseau régional d'ingénieurs en bioinformatique de Lille et le PPF bioinformatique vous convient à un séminaire le mardi 25 juin 2013 à 11h dans l'amphithéâtre de l'Institut de Biologie de Lille (1 rue du Pr Calmette, Lille):

## **Analyse de données issues de ChIP-seq: comment passer des "reads" aux motifs de fixation pour des facteurs de transcription**

*Morgane Thomas-Chollier*  
Ecole Normale Supérieure, IBENS

La méthode ChIP-seq est de plus en plus utilisée pour caractériser à l'échelle du génome les régions de l'ADN fixées par des facteurs de transcription, ou correspondant à des marques de la chromatine. Les données obtenues en sortie des appareils de séquençage à haut débit (les « reads ») nécessitent un traitement bioinformatique pour en extraire l'information d'intérêt biologique. Les étapes d'analyses pour passer des « reads » aux pics de ChIP-seq seront présentées. Ensuite, l'étape de découverte de motifs au sein de ses pics sera détaillée, en se focalisant sur le programme *peak-motifs*, intégré à la suite d'outils RSAT (<http://www.rsat.fr>). Finalement, la méthode ChIP-exo, extension du ChIP-seq, sera décrite afin de mettre en évidence les différences dans l'analyse de ce type de données

Contact:

[olivier.sand@good.ibl.fr](mailto:olivier.sand@good.ibl.fr)

