



CNRS UPMC

Station Biologique
Roscoff



Le réseau régional d'ingénieurs en bioinformatique de Lille, organise une **conférence mardi 15 octobre 2013 à 9h30**, amphithéâtre de l'Institut de Biologie de Lille, 1, rue du Pr Calmette, LILLE. Cette conférence sera suivie d'un **tutoriel de 11h à 12h**, salle de formation de l'IBL. Inscription par mail obligatoire pour le tutoriel (limité à 12 participants). Contact : sophie.gallina@univ-lille1.fr

Assemblage de-novo de transcriptome - *Trinity*

Erwan Corre, *Plate-forme AbiMS, Station Biologique de Roscoff*

Gildas Le Corguillé, *Université Pierre & Marie Curie*

La plate-forme ABiMS (*Analysis and Bioinformatics for Marine Science*) s'est engagée depuis plusieurs années dans des projets d'analyse de transcriptomes d'espèces « non modèles » issues notamment du monde marin (algues brunes, algues rouges, krill, mollusques, etc). Pour ces espèces dont les génomes ne sont pas encore disponibles, il a été nécessaire d'utiliser des approches d'assemblage «de novo ». Ces approches ont démontrés leur puissance sur des organismes « exotiques » [1,2,3]. Toutefois l'usage de ces méthodes sur des organismes dont les génomes sont d'ores et déjà disponibles permet également de découvrir des modifications structurales des transcrits mRNA (comme les splicing alternatifs) qui sont plus difficilement détectables par des approches de re-mapping des lectures sur les génomes de référence [4,5].

Après une présentation des méthodologies de nettoyage de données, nous présenterons le logiciel d'assemblage de RNASeq *Trinity*[6] ainsi que les scripts d'annotation et d'analyse différentielle proposés par les développeurs de l'outil.

Nous vous proposerons également d'utiliser ces outils au travers de l'interface **Galaxy** dans la cadre d'un court TP.

- (1) Garg R, et al. (2011). De novo assembly of chickpea transcriptome using short reads for gene discovery and marker identification. *DNA Res.* 18 (1): 53–63.
- (2) Adamidi C, et al. (2011). De novo assembly and validation of planaria transcriptome by massive parallel sequencing and shotgun proteomics. *Genome Res.* 21 (7): 1193–1200
- (3) Zeng V, et al. (2011). De novo assembly and characterization of a maternal and developmental transcriptome for the emerging model crustacean *Parhyale hawaiensis*. *BMC Genomics* 12: 581
- (4) Lu, B., et al. (2013). Comparative study of de novo assembly and genome-guided assembly strategies for transcriptome reconstruction based on RNA-Seq. *Science China Life Sciences*, 56(2), 143–155.
- (5) Prachi Jain, N. M. K. B. P. (2013). Augmenting transcriptome assembly by combining de novo and genome-guided tools. *PeerJ*, 1.
- (6) Grabherr MG, et al. (2011). "Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome". *Nat Biotechnol.* 2011 May 15;29(7):644-52.

