

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 4/6 : Analyses ChIP-seq

Le cycle de formation « Analyses de données de séquençage haut-débit » est constitué de six modules :

- 1) Analyses ADN
- 2) Analyses de variants
- 3) Métagénomique
- 4) Analyses ChIP-seq**
- 5) Analyses RNA-seq - partie 1 (bioinformatique)
- 6) Analyses RNA-seq - partie 2 (biostatistique)

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois, maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping) est nécessaire à la bonne compréhension des modules suivants. De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des participants qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.

Cette formation est proposée par la plate-forme de bioinformatique et biostatistique de Lille, bilille : <https://wikis.univ-lille.fr/bilille>

OBJECTIFS	<p>Savoir analyser des données de ChIP-seq, du peak-calling à la découverte de motifs :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Savoir détecter les pics et obtenir un signal - Comprendre les différentes structures de données - Savoir effectuer les contrôles qualité - Savoir effectuer une analyse d'enrichissement de motifs - Etre capable de préparer ses résultats pour leur annotation - Comprendre comment croiser plusieurs résultats de ChIP-seq
PUBLIC CONCERNÉ	<p>Biologistes et médecins : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants</p>
PRÉ-REQUIS	<ul style="list-style-type: none"> - Etre familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy ») - Avoir suivi le module 1/6 « Analyses ADN » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et leur alignement
CONTENU	<ul style="list-style-type: none"> - Utilisation de MACS et des deepTools pour la détection de pics, l'obtention de signaux et le croisement des résultats. Découverte des paramètres et contraintes des outils - Utilisation d'outils de contrôle qualité - Découverte des formats de fichiers (bed, wig/bigwig) - Analyse d'enrichissement de motifs
MÉTHODE	<p>Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy</p>

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 4/6 : Analyses CHIP-seq

DATES	24 et 25 juin 2021 (2 jours)
INTERVENANTS	Olivier Sand, IR CNRS, IFB-core/bilille Pierre Pericard, IR Université de Lille, bilille, UMS PLBS
EFFECTIF	Un groupe de 10 personnes
LIEU	Université de Lille (Campus Cité Scientifique)
INSCRIPTIONS	Avant le 6 janvier 2021

	<p>Jennifer Chouchaoui Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr</p>
	<p>Dorothee TERRY Inserm DR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : dorothee.terryn@inserm.fr</p>
	<p>Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr</p>