



Atelier de formation 215

Organisateurs • Organizers: Jean-Christophe Andrau (CIML, Marseille, France), Antonin Morillon (Institut Curie, Paris, France)

Diversité des transcriptomes non codants révélés par RNA-seq

■ **Phase I • Le point sur...**
31 mai – 2 juin 2012 • Bordeaux

Objectifs

Le développement des techniques de séquençages à haut-débit a conduit à l'explosion des connaissances dans le domaine de la génomique et de la transcriptomique. En particulier, les années récentes ont révélé l'extrême diversité qualitative et quantitative des ARNs non codants nucléaires et cytoplasmiques qui comprennent de très courts (TSS-RNAs, miRNA...) comme de très longs transcrits (lncRNAs). Les concepts de spécificité et de fonction de ces nouveaux transcrits ainsi que du bruit transcriptionnel peuvent désormais être ré-envisagés sous un jour nouveau. L'atelier proposé abordera les aspects conceptuels et pratiques des ARNs non codants dans les organismes procaryotes, eucaryotes uni- et multicellulaire, tout en abordant des questions ayant trait au développement et à la différenciation dans un contexte normal ou pathologique.

Public

Public mixte et large de biologistes et de bioinformaticiens (Chercheurs, étudiants, post-docs).
Les conférences seront données en anglais.

Programme

Plusieurs aspects du transcriptome non codant seront traités :

- Transcription pervasive
- ARN non codant associés aux promoteurs et enhanceurs
- ARNs non codant régulateurs
- Approches alternatives pour l'identification (méthode bioinformatique, nouvelles approches de séquençage)

■ **Phase II • Maîtrise technique**
Octobre 2012 • Paris, Marseille

Programme

Deux ateliers pratiques:

1- Analyse de RNA-seq levure, grands ARNs (Campus de Gif, Région Parisienne, France). Durée de 5 jours. Préparation banque single read whole transcriptome (6 binomes) et Analyse de données brutes (mapping, filtres, contrôle expression, visualisation).

2- Analyse de RNA-seq, petits ARNs mammifères (TAGC, Campus de Luminy, Marseille, France). Durée de 5 jours. Préparation banque single read whole transcriptome (6 binomes) et Analyse de données brutes (mapping, filtres, contrôle expression, visualisation).

Sélection

12 participants seront retenus parmi les participants de la phase I.

Avec la participation de / with the participation of

Piero Carninci (Riken Inst, Kanagawa, Japan), Philippe Couttet (Novartis, Bale, Switzerland), Anton Enright (EBI, UK), Daniel Gautheret (Univ Paris-Sud, Paris, France), Alain Jacquier (Inst. Pasteur, Paris, France), Torben Jensen (Aarhus Univ, Aarhus, Denmark), Philipp Kapranov (St. Laurent Institute, USA), John Lis (Cornell Univ, USA), John Mattick (IMB Queensland, Brisbane, Australia), Gioacchino Natoli (Campus IFOM-IEO, Milan, Italy), Ramesh Pillai (EMBL, Grenoble, France), Christopher Ponting (Oxford Univ, Oxford, UK), Jorg Vogel (Molecular Infection Inst, Wurzburg, Germany)

Diversity of the non coding transcriptomes revealed by RNA-seq

■ **Phase I • Critical assessment...**
May 31 – June 2, 2012 • Bordeaux

Aims

Non-coding (nc)RNAs have raised an immense interest over the past 10 years and emerging sequencing technologies are currently enlarging even more the different families described within all the living kingdoms.

Small and large ncRNAs (TSS-RNAs, miRNA, lncRNAs...) have been recently shown to encompass regulatory activities to control the genome expression and stability. One of the major goals of this course is to provide a large overview of the different ncRNAs described so far in different organisms and how Next Generation Sequencing approaches and bioinformatics tools have revolutionized their systematic characterization.

Audience

For a large audience, including PhD student, researchers and postdocs either biologists or bioinformaticians.
Lectures will be given in English.

Program

Several aspects of the non coding transcriptome will be described:

- Pervasive transcription
- ncRNAs associated with promoters and enhancers
- Regulatory ncRNAs
- Alternative approaches for ncRNA identification (Bioinformatic tools, novel sequencing technologies)

■ **Phase II • Technical workshop**
October 2012 • Paris, Marseille

Program

Two practical workshops:

1- Analysis of yeast large RNA by RNA-seq (Paris, France). 5 days. Library preparation of single read whole transcriptome (6 groups of 2 persons) and Data analysis (mapping, filtering, expression control, visualization).

2- Analysis of small mammalian ncRNAs by RNA-seq (TAGC, Campus de Luminy, Marseille, France). 5 days. Library preparation of single read whole transcriptome (6 groups of 2 persons) and Data analysis (mapping, filtering, expression control, visualization).

Selection

12 trainees will be selected among phase I participants.

Date limite d'inscription : 26 mars 2012 • Registration deadline : March 26th 2012

Renseignements et inscriptions • Information and registration

**Inserm • Ateliers de formation • 101 rue de Tolbiac • 75654 Paris Cedex 13
Tel. +33 (0) 1 44 23 62 04 or 62 03 • Fax +33 (0) 1 44 23 62 93 • ateliers@inserm.fr**