

# BIGOU, Biologie Intégrative et Génomique dans le Grand Ouest

**THEME : De la génomique à la Biologie Intégrative**

**Comité Scientifique :** Yvan Le Bras, Charles Pineau, Damien Eveillard, Jocelyne Le Seyec, Olivier Collin, Frédérique Hubler, Anne Siegel, Laurent Rivet

**Comité d'Organisation :** Biogenouest

## SITUATION SCIENTIFIQUE ET OBJECTIFS :

### Les enjeux :

- Enjeux du projet fédérateur de BGO
- Projet novateur relié notamment à l'explosion des technologies utilisables en génomique.
- Projet interdisciplinaire, destiné à faire se rencontrer des communautés scientifiques.
- Objectifs scientifiques de l'école : Informer, former, fédérer.
- Objectifs stratégiques de l'école : augmenter l'utilisation croisée des PF BGO en sciences de la vie, augmenter l'interconnectivité des organismes / équipes de recherches et des domaines (bioinfo, biostat, génétique, physio, ...), optimiser l'utilisation des résultats et données générés.

### Objectifs de formation :

- Apprendre / comprendre / asseoir compétences / voir application = ouverture du champ de vision !  
Ne pas rester dans son domaine, dans son labo mais s'ouvrir au grand ouest !

### Public concerné :

- Prioritairement : Personnel des plateformes biogenouest et scientifiques en sciences du vivant d'un organisme / institution du grand ouest (responsable d'équipe, scientifiques, postdoc, doctorant, ...)
- L'école répond à une demande de la part des participants potentiels (enquête préliminaire N. Le Meur)
- Chacun des participants représente potentiellement une ressource liée à la formation (intervenants, transferts potentiels de savoirs)

### Pré-requis :

- Pré-requis : Sensibilité vis-à-vis du domaine de la biologie intégrative et de la génomique

## CONSEQUENCES ATTENDUES :

- Accompagnement de développement d'une recherche, création ou développement d'une communauté pluridisciplinaire, **transfert de méthodes et techniques, rencontres.**
- Retombées attendues: **structuration d'une communauté, création de réseaux d'échanges et de collaborations**, élaboration de nouveaux projets pédagogiques.

## GRANDS AXES DU PROGRAMME :

Quelles sont les données ?

Comment générer des données intégrables ?

Comment analyser les données dans le cadre de l'intégration ?

## MODALITES PEDAGOGIQUES:

Organisation prévisionnelle à titre indicatif (30 minutes par présentation, en français, dont 5 à 10 minutes laissées aux questions)

### Lundi :

14h – 14h30 : Présentation du projet, ouverture du séminaire

14h30 – 16h30 : Module 1 (données générées 1/2)

16h50 – 18h50 : Module 1 (données générées 2/2)

### Mardi :

8h30 – 10h30: Module 2 (Standardisation)

10h50 – 12h50 : Module 3 (Recherche de candidats 1/2)

14h00 – 16h30 : Module 3 (Recherche de candidats 2/2)

16h50 – 18h : Module 4 (Reconstruction de réseaux)

### Mercredi :

9h – 10h30 : Module 5 (Identification de candidats dans le cadre d'interactions dynamiques en réseaux)

10h50 – 13h : Module 6 (Modélisation dynamique)

14h00 – 15h15 : Temps d'échange.

15h15 – 16h : Conclusions, remarques.

## PROGRAMME PREVISIONNEL DETAILLE

### Lundi 7 Novembre :

14h – 14h30 : Ouverture du séminaire

-Y Le Bras

14h30 – 16h30 : Module 1 (données générées 1/2) présentation des PFs et des données générées

-E. Com (PF identification-caractérisation à haut débit)

-L. Rivet (PF Corsaire)

-Cathy Charlier / Mike Maillason (PF Impact)

-Régis Bouvet (PF Transcriptome)

PAUSE CAFE

16h50 – 18h20 : Module 1 (données générées 2/2)

-Rémy Le Guevel, Anne Corlu, Myriam Ravache (PF ImPACcell)

-Pierre Peterlongo (INRIA Rennes) *NGS et BI, les nouveaux challenges\**

-Delphine Naquin (INRIA Rennes) *NGS et application\**

DINER

## **Mardi 8 Novembre :**

### 8h30 – 10h30: Module 2 (Standardisation)

- Olivier Collin (INRIA Irisa Rennes) *La bioinformatique, infrastructures et challenges\**
- F. Moreews (INRIA Irisa Rennes) *webservices et workflows\**
- Alain Zasadzinski (INIST Nancy) *Projet base de données sur les données de la recherche en sciences de la vie*
- Olivier Dameron (U936 INSERM, Rennes) *compatibilité / intéropérabilité syntaxique et sémantique + Ontologies\**

PAUSE CAFE

### 10h50 – 12h50 : Module 3 (Recherche de candidats 1/2)

- Charles Pineau (PF protéomique biogenouest, INSERM, URennes 1). *La génomique intégrative vue de la protéomique\**
- Fred Chalmel (INSERM, URennes 1). *AMEN and now GPSy: A novel cross-species Gene Prioritization System for developmental biology – application in gametogenesis*
- Antoine Rolland (INSERM, URennes 1). *Projet Fertichip\**
- Thierry Tonon / Catherine Boyen (CNRS / UPMC Roscoff) *Génomique et profilage transcriptomique/protéomique/métabolomique chez l'algue brune modèle Ectocarpus siliculosus en lien avec métabolisme primaire/acclimatation/adaptation*

DEJEUNER

### 14h00 – 16h30 : Module 3 (Recherche de candidats 2/2)

- Marie De Tayrac / Marc Aubry (INSERM CHU Univ. Rennes 1) *Projet Glioblastome\**
- Pascale Le Roy (GARen UMR598 INRA / Agrocampus-ouest) *Structure génétique et caractères complexes, du gène au phénotype\**
- Sandrine Lagarrigue (GARen UMR598 INRA / Agrocampus-ouest) *Utilisation de la génétique et de la cartographie génétique pour l'intégration\**
- Fredérique Hubler, annotation experte (PF Amadeus, URennes 1), désanonymiser l'information (vérifier, créer, préciser les annotations). Gènes candidats, fonctions candidates.
- Christian Diot, Frédéric Héroult (UMR598 GARen INRA / Agrocampus-Ouest) et Olivier Dameron *comparaison multi-espèces caractérisation de clusters par annotations*

PAUSE CAFE

### 16h50 – 18h : Module 4 (Reconstruction de réseaux)

- Réseaux transcriptionnels, Yuna Blum (UMR598 INRA Agrocampus ouest/ LMA<sup>2</sup>, RENNES)
- Réseaux métaboliques, Thierry Tonon / Catherine Boyen (CNRS / UPMC Roscoff) *Reconstruire une carte métabolique chez l'algue brune modèle Ectocarpus siliculosus*
- F. Moreews (INRIA Irisa Rennes) *Cytoscape, un outil de visualisation de réseaux\**

DINER

## **Mercredi 9 Novembre :**

9h – 10h30 : Module 5 (Identification de candidats dans le cadre d'interactions dynamiques en réseaux)

- Anne Siegel (IRISA Rennes) *De l'analyse statique aux modèles dynamiques*
- D. Eveillard (LINA, Nantes) *Identification d'opéron par alignement de génomes et cartes métaboliques*
- Pierre Blavy (INRIA IRISA Rennes) *Recherche de régulateurs génétiques du métabolisme des lipides*

PAUSE CAFE

10h50 – 13h00 : Module 6 (Modélisation dynamique)

- Damien Eveillard (LINA, Nantes). *Un exemple en écologie\**
- P Cormier (CNRS / UPMC Roscoff). *Modèle oursins : exploration qualitative (biochim) et quantitative\**.
- O. Roux (Ircsyn Nantes) *Prendre en compte des délais\**
- G. Andrieux (IRSET, IRISA Rennes) *Modèle numérique autour des régulations du Génome\**

DEJEUNER

14h00 – 15h15 : Temps d'échanges

15h15 – 16h : Conclusions, remarques

\*Les titres sont donnés à titre indicatifs et ne sont pas arrêtés ni validés par les protagonistes!