

Bioinformatics in



Julie Dubois-Chevalier

UMR1011 : Récepteurs Nucléaires - Maladies Métaboliques et Cardiovasculaires

Récepteurs nucléaires dans le syndrome métabolique

Pathologies cardiaques, anomalies de flux sanguin et hémostasie

Dialogue immuno-métabolique dans l'obésité et ses comorbidités

Analyse transcriptionnelle intégrée des maladies hépatiques

Récepteurs nucléaires et rythmes circadiens en physio-pathologie

Equipe ATIP-Avenir

Biological Landscape

Récepteurs nucléaires dans le syndrome métabolique

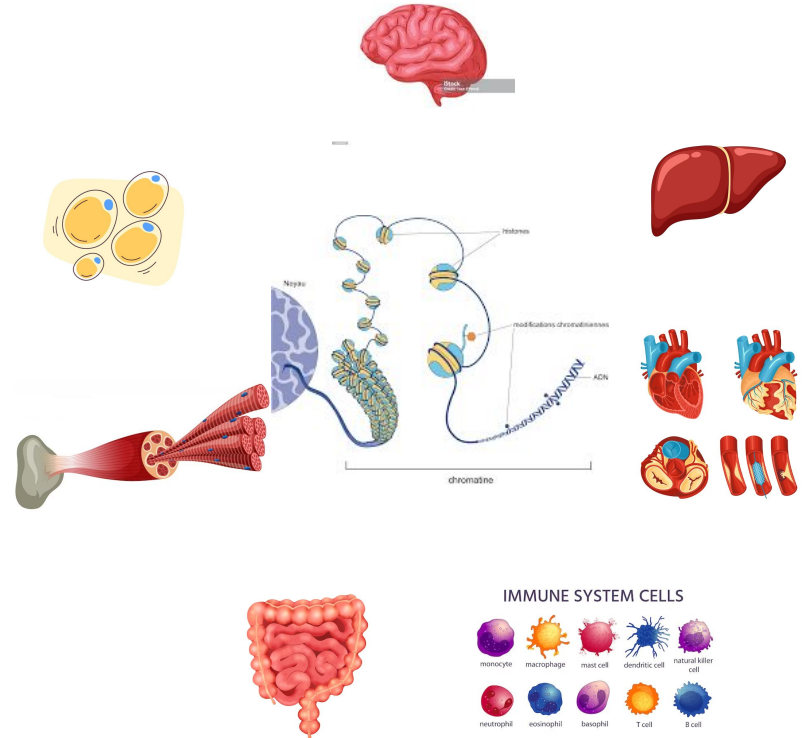
Pathologies cardiaques, anomalies de flux sanguin et hémostasie

Dialogue immuno-métabolique dans l'obésité et ses comorbidités

Analyse transcriptionnelle intégrée des maladies hépatiques

Récepteurs nucléaires et rythmes circadiens en physio-pathologie

Equipe ATIP-Avenir



Bioinformatic Landscape

Récepteurs nucléaires dans le syndrome métabolique

Pathologies cardiaques, anomalies de flux sanguin et hémostasie

Dialogue immuno-métabolique dans l'obésité et ses comorbidités

Analyse transcriptionnelle intégrée des maladies hépatiques

Récepteurs nucléaires et rythmes circadiens en physio-pathologie

Equipe ATIP-Avenir

Vance Gao (Post-doc)

Bulk/Single-cell RNA-seq analysis (immune & cardiac cells)

Developpement méthode Enrichissement

ML/Signal Processing/Agent-Based simulation
+ Wet-lab (dendritic cells immunometabolism)

Ludivine Vasseur (Doctorante)

Bulk RNA-seq / ChIP-seq analysis
Unsupervised ML / Data Integration
+Wet-lab (Hepato/Cholangiocytes, Primary Murine Cells)

Bioinformatic Landscape

Récepteurs nucléaires dans le syndrome métabolique

Pathologies cardiaques, anomalies de flux sanguin et hémostasie

Dialogue immuno-métabolique dans l'obésité et ses comorbidités

Analyse transcriptionnelle intégrée des maladies hépatiques

Récepteurs nucléaires et rythmes circadiens en physio-pathologie

Equipe ATIP-Avenir

Loïc Guille (IE)

Bulk/Single-cell RNA analysis,
Developpement (R/Shiny, Python),
Training

Julie Chevalier (IR)

Data Integration + analysis(NGS/others),
unsupervised ML,
Functional Genomic / Epigenomics,
Training

Plateau Bioinformatique

Plateau Bioinformatique

Biologie

cistrome

transcriptome

Plateau Bioinformatique

Biologie

Technologie

cistrome

ChIP-seq
Cut&Run
ATAC-seq / DHS-seq

transcriptome

MicroArrays
Bulk RNA-seq
Cage-seq
Single-cell/nuclei RNA-seq

Plateau Bioinformatique

Biologie

Technologie

Expertises / Pipelines

cistrome

ChIP-seq
Cut&Run
ATAC-seq / DHS-seq

- Sharp/Broad peak-calling
- Pipeline IDR >2 réplicats
(workflow Galaxy + Command lines)
- Différentiel/Normalisation
- Clustering - Data Projections
on Multi-Conditions / Signals
(Spark, 3way-PCA...)

transcriptome

MicroArrays
Bulk RNA-seq
Cage-seq
Single-cell/nuclei RNA-seq

GIANT (in galaxy)

ISCEBERG (shiny app)

Plateau Bioinformatique

Biologie

Technologie

Expertises / Pipelines

Banque de données

cistrome

ChIP-seq
Cut&Run
ATAC-seq / DHS-seq

- Sharp/Broad peak-calling
- Pipeline IDR >2 réplicats (workflow Galaxy + Command lines)
- Différentiel/Normalisation
- Clustering - Data Projections on Multi-Conditions / Signals (Spark, 3way-PCA...)

transcriptome

MicroArrays
Bulk RNA-seq
Cage-seq
Single-cell/nuclei RNA-seq

GIANT (in galaxy)

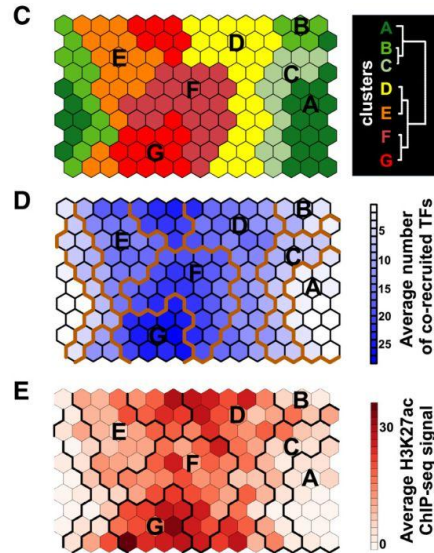
ISCEBERG (shiny app)

- InHouse Blacklisted Regions (3T3L1 + Mouse liver)
- Meta chip-seq Input mouse liver
- Meta DHS-seq mouse liver
- Super-Enhancers 12 tissues (K27ac/DHS/BRD4-liver)
- H3K4me3 Broad-domains 12 tissues
- Specificity Indexes (Cage 125 human / 39 mouse cell-types, DHS & K27ac in liver)
- Classement TFs in mouse & human : spe,mid,ubiquitous (AFM+cage)
- From Public DB/consortium Blacklisted Regions Matched-Versions of Annotations/ genomes+transcriptomes de references

Plateau Bioinformatique : Pipelines Transcriptomiques

- ❖ **Galaxy in house + instance sur le cloud avec GIANT (version 19.1)**
- ❖ **GIANT: galaxy-based tool for interactive analysis of transcriptomic data.** Vandel, J., Gheeraert, C., Staels, B., Jérôme Eeckhoute, Philippe Lefebvre, Julie Dubois-Chevalier, *Sci Rep* 10, 19835 (2020)
 - snapshot sur le cloud (galaxy instance+GIANT) : Galaxy_micro-array_RNA-seq_image
 - Code + Doc : <https://github.com/juliechevalier/GIANT>
- ❖ **ISCEBERG : Interactive Single Cell Expression Browser for Exploration of RNAseq data using Graphics.** Loïc Guille, Manuel Johanns, Francesco Zummo, Bart Staels, Philippe Lefebvre, Jérôme Eeckhoute, & Julie Dubois-Chevalier. (2022), (v1.0.1). Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.6563734>
 - Snapshot sur le cloud (shinyApp) : Isceberg_image
 - Code + Doc : <https://github.com/loicguille/ISCEBERG>

Exemple Recherche



TFs Chip-seq + SOM

*Define highly active &
bound promoters cluster*

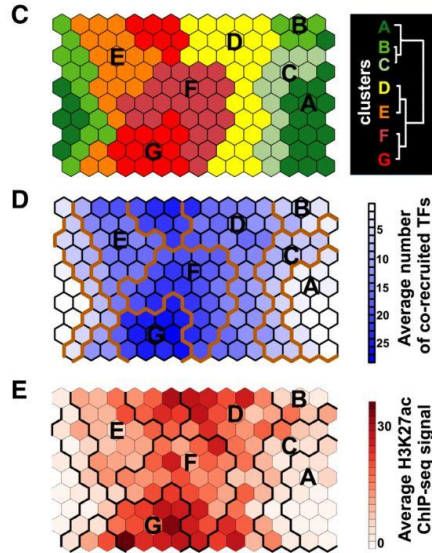
An extended transcription factor regulatory network controls hepatocyte identity

Julie Dubois-Chevalier, Céline Gheeraert, Alexandre Berthier , Clémence Boulet, Vanessa Dubois, Loïc Guille , Marie Fourcot, Guillemette Marot, Karine Gauthier, Laurent Dubuquoy , Bart Staels , Philippe Lefebvre , Jérôme Eeckhoutte

[Author Information](#)

EMBO Reports (2023) 24: e57020 | <https://doi.org/10.15252/embr.202357020>

Exemple Recherche



TFs Chip-seq + SOM

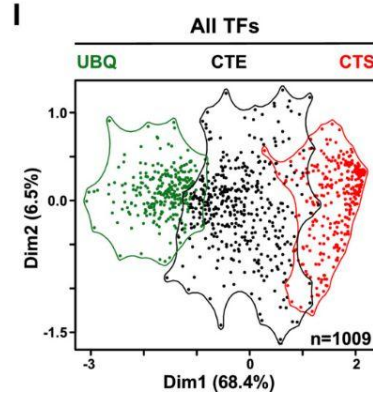
Define highly active & bound promoters cluster

An extended transcription factor regulatory network controls hepatocyte identity

Julie Dubois-Chevalier, Céline Gheeraert, Alexandre Berthier , Clémence Boulet, Vanessa Dubois, Loïc Guille , Marie Fourcot, Guillemette Marot, Karine Gauthier, Laurent Dubuquoy , Bart Staels , Philippe Lefebvre , Jérôme Eeckhoutte

[Author Information](#)

EMBO Reports (2023) 24: e57020 | <https://doi.org/10.15252/embr.202357020>



Human & Mouse CAGE-seq +
AFM + Hierarchical Clustering

Define liver-specific promoters

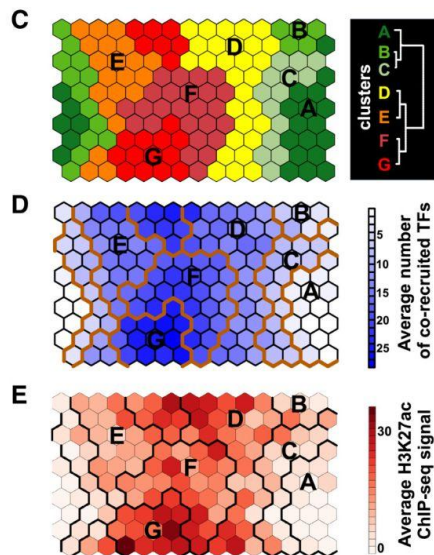
Exemple Recherche

An extended transcription factor regulatory network controls hepatocyte identity

Julie Dubois-Chevalier, Céline Gheeraert, Alexandre Berthier, Clémence Boulet, Vanessa Dubois, Loïc Guille, Marie Fourcot, Guillemette Marot, Karine Gauthier, Laurent Dubuquoy, Philippe Lefebvre, Jérôme Eeckhoutte

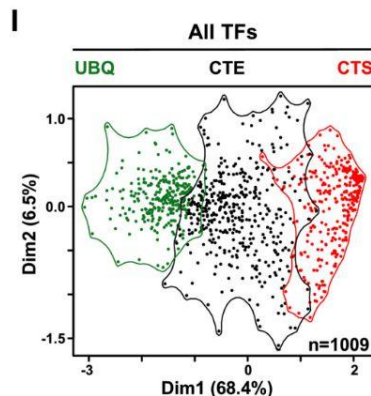
[Author Information](#)

EMBO Reports (2023) 24: e57020 | <https://doi.org/10.15252/embr.202357020>



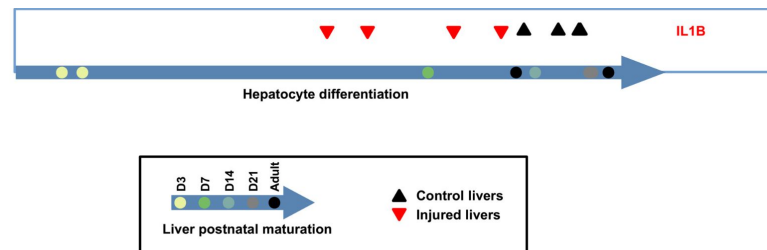
TFs Chip-seq + SOM

Define highly active & bound promoters cluster



Human & Mouse CAGE-seq + AFM + Hierarchical Clustering

Define liver-specific promoters



Transcriptomic Liver Differentiation + PCA
Then Transcriptomic Liver injuries +
Batch-correction & Projection on PCA

Find liver injury models where there is a loss of hepatocyte identity

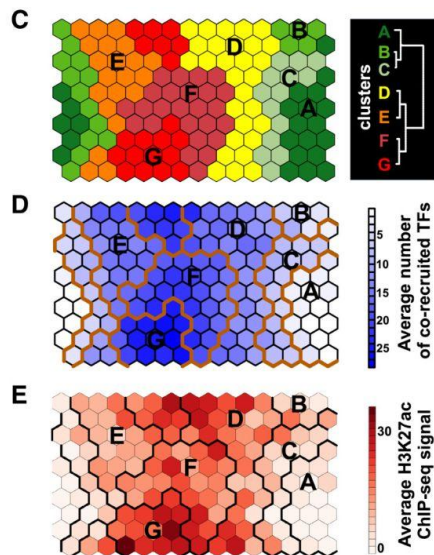
Exemple Recherche

An extended transcription factor regulatory network controls hepatocyte identity

Julie Dubois-Chevalier, Céline Gheeraert, Alexandre Berthier, Clémence Boulet, Vanessa Dubois, Loïc Guille, Marie Fourcot, Guillemette Marot, Karine Gauthier, Laurent Dubuquoy, Philippe Lefebvre, Jérôme Eeckhoutte

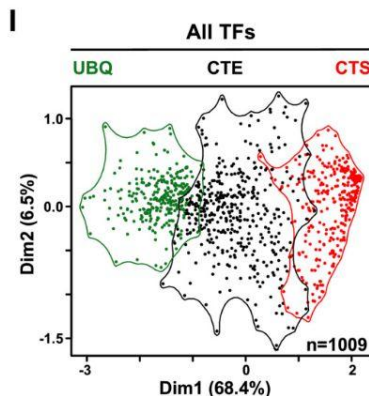
[Author Information](#)

EMBO Reports (2023) 24: e57020 | <https://doi.org/10.15252/embr.202357020>



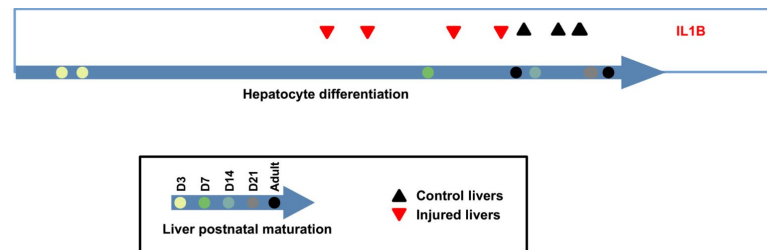
TFs Chip-seq + SOM

Define highly active & bound promoters cluster



Human & Mouse CAGE-seq + AFM + Hierarchical Clustering

Define liver-specific promoters



Transcriptomic Liver Differentiation + PCA
Then Transcriptomic Liver injuries +
Batch-correction & Projection on PCA

Find liver injury models where there is a loss of hepatocyte identity

Find new TFs-network implicated in hepatocyte identity & validate hypothesis in in-vivo model

In progress

- Normalisation Chip-seq de différents TFs / Comparabilité-mélange dans une même analyse
- Single-cell/nuclei :
 - Batch correction
 - Visualisation et mining de données intégrées
 - Différentiel
 - Demultiplexing
 - Ambient RNA
 - Integration

Thank you