

# Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2015

## ➤ Module 18 : Traitement bioinformatique des données RNA-Seq sous Galaxy

### Public concerné

### Pré requis

Connaitre Galaxy ou avoir suivi le module 17 [Initiation à Galaxy]  
Avoir suivi le module 8bis (NGS sous Galaxy)

### Modalités pédagogiques

Théorie : 50%  
Pratique : 50%

10 stagiaires par session

Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

### Dates & horaires

Jeudi 4 juin 2015  
9H30 - 17H00

### Durée

1 jour

### Intervenant

Valentin Loux/Cyprien Guérin

### Tarif

175 euros HT

### Modalités de paiement

Bon de commande (+TVA 20 % pour non INRA, sans TVA pour INRA).

### Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le **21 mai 2015**, le paiement sera dû.

### Objectifs

Connaitre les concepts et méthodes bioinformatiques utilisées pour l'analyse de données RNA-Seq eucaryote et procaryote.

### Programme

#### Théorie

- Bases biologiques des études d'expression
- Séquençage NGS et RNA-Seq
- Méthodes d'alignements spécifiques au RNA-Seq
- Reconstruction de transcrits
- Assemblage *de novo* de transcriptomes
- Quantification

#### Pratique

TP sur des données de type eucaryote et procaryote, sous Galaxy

- Contrôle qualité
- Nettoyage des données
- Alignement sur un génome de référence et épissage
- Visualisation de l'alignement
- Découverte de nouveaux transcrits
- Obtention d'un tableau de comptage

### Lien avec d'autres modules

L'analyse statistique des résultats des analyses bioinformatiques effectuées dans ce module est traitée dans le module 16 [Stats & RNA-seq]. Les deux modules se basent sur le même jeu de données.

### Contacts & Informations

*veronique.martin@jouy.inra.fr* Tél : 013465 2974  
*sophie.schbath@jouy.inra.fr* Tél : 013465 2890

### Demande d'inscriptions en ligne

<http://migale.jouy.inra.fr/?q=formations>