

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 18 : Traitement bioinformatique des données RNA-Seq

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
- 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

Pré requis - Avoir suivi le module 8 (NGS)

Dates & Horaires

Judi 10 mars 2016
9H30 ~ 17h00

Durée

1 jour

Intervenants

Valentin Loux
Cyprien Guérin

Tarifs

175 euros HT (INRA)
233 euros TTC (hors INRA)

Modalités pédagogiques

Théorie : 20% - Pratique : 80% - 10 stagiaires par session - Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

Modalités de paiement

Uniquement par bon de commande

Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le **25 février 2016**, le paiement sera dû.

Contacts

veronique.martin@jouy.inra.fr Tél. : 0134652974
formation.migale@jouy.inra.fr
<http://migale.jouy.inra.fr/?q=fr/formations>