

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 20 : Analyse de données métagénomiques 16S

Objectifs

Cette formation est dédiée à l'analyse de données de type "métagénomique amplicon" issues des technologies de séquençage 454 et Illumina. La formation couvre les grandes étapes d'un pipeline d'analyse bioinformatique sous Galaxy (FROGS) pour transformer les séquences en tables d'abondances puis présente des outils statistiques sous R (phyloseq) qui permettent de décrire et comparer les échantillons à partir de ces tables.

Programme

Jours 1 et 2 : Analyses Bioinformatiques sous Galaxy

- Introduction générale
- Brefs rappels sur l'environnement Galaxy
- Présentation des données issues des différentes technologies de séquençage
- Prétraitement des données
- Clustering des séquences, construction des OTUs
- Détection de chimères
- Annotation taxonomique
- Filtrage des données de comptages
- Outils de visualisation
- Construction de workflow et configuration de FROGS
- Limite des données et des méthodes

Jour 3 : Analyses Statistiques sous Rstudio

- Introduction générale
- Import et manipulation des données
- Mesure de diversités : Unifrac, Bray-Curtis, etc.
- Ordination et réduction de dimension : MDS
- Clustering et Heatmap
- Comparaison d'échantillons : PERMANOVA, adonis

Pré requis - Avoir des bases en R

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs
27 sept 2016 : 10h ~ 18h	3 jours	Mahendra Mariadassou / Olivier Rué	Facture INRA : 275 euros HT
28 sept 2016 : 9h ~ 18h			Facture hors INRA : 305 euros HT
29 sept 2016 : 9h ~ 17h			(366 euros TTC)

Modalités pédagogiques

Théorie : 50% - Pratique : 50% - 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 **13 septembre 2016**, le paiement sera dû.

Contacts

veronique.martin@jouy.inra.fr Tél. : 013465 2974
 formation.migale@jouy.inra.fr
<http://migale.jouy.inra.fr/?q=fr/formations>