

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 8 : Analyse primaire de données issues de séquenceurs nouvelle génération

Objectifs

Connaître les concepts et méthodes bioinformatiques utilisés pour l'analyse primaire de données issues de NGS. Application aux outils de mapping et d'assemblage.

Programme

Théorie

- Présentation des différents types de séquenceurs
- Applications biologiques des NGS
- Les grandes familles d'algorithmes de mapping de lectures courtes, d'assemblage et les outils associés

Pratique

Analyse des données de séquençage d'un génome bactérien

- Contrôle qualité
- Nettoyage des données
- Assemblage
 - Assemblage de-novo/assemblage guidé par un génome de référence
 - Visualisation et statistiques sur l'assemblage
- Comparaison à un génome de référence :
 - Mapping des lectures sur un génome proche
 - Visualisation du mapping

Pré requis - Pratique avancée de la ligne de commande

Dates & Horaires

Mercredi 9 mars 2016
9H00 ~ 18h00

Durée

1 jour

Intervenants

Jean-François Gibrat/Valentin
 Loux/Véronique Martin

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
24 février 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>