

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2016

Module 8bis : Analyse primaire de données issues de séquenceurs nouvelle génération sous Galaxy

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 et les outils associés

Pratique

Analyse des données de séquençage d'un génome bactérien

- Contrôle qualité
- Assemblage de-novo
 - oNettoyage des données
 - oAssemblage
 - oVisualisation et statistiques sur l'assemblage
- Comparaison à un génome de référence :
 - oMapping des lectures sur un génome proche
 - oVisualisation du mapping

Tous les TPs seront réalisés sous l'environnement d'exécution de traitements Galaxy.

Pré requis - Avoir suivi le module 17 [Galaxy] ou maîtriser l'utilisation de Galaxy

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs
Mercredi 31 mai 2016 9H30 ~ 17h00	1 jour	Jean-François Gibrat/Valentin Loux/Véronique Martin	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 **17 mai 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>