

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2019

Module 22 - Détection et analyse de variants génomiques

Objectifs pédagogiques

A l'issue de la formation, les stagiaires connaîtront les différentes étapes à enchaîner pour obtenir une liste de variants génomiques par rapport à un génome de référence, à partir de données de séquençage Illumina. Ils auront lancé via Galaxy les outils choisis sur un jeu de données préparé pour cette formation. Ils connaîtront également les informations stockées dans les fichiers FASTQ, SAM, BAM et VCF et seront capables de les manipuler.

Programme prévisionnel (peut évoluer à la marge selon les attentes du groupe)

- Introduction à Galaxy
- Contrôle qualité et préprocessing des données
- Mapping (BWA)
- Recherche de variants (GATK)
- Annotation de variants (SNPeff, SNPsift)
- Visualisation (IGV)

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs
1 ^{er} et 2 avril 2019 9H00 ~ 17h00	2 jours	Olivier Rué Cédric Midoux	225 euros HT (<i>INRA</i>) 250 euros HT (Académique non <i>INRA</i>) 500 euros HT (Non académique)

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 **18 mars 2019**, le paiement sera dû.

Contacts

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