

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

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

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

Dates & Horaires

Mercredi 31 mai 2016
9H30 ~ 17h00

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
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>