

# 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 16 mars 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 **1<sup>er</sup> mars 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>