

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2017

Module 21 : Traitement bioinformatique des données RNA-Seq

Objectifs

Connaitre les concepts et méthodes bioinformatiques utilisées pour l'analyse de données RNA-Seq eucaryote et procaryote.

Programme

Théorie

- Bases biologiques des études d'expression
- Séquençage NGS et RNA-Seq, présentation des différents types de séquenceurs
- Méthodes d'alignements spécifiques au RNA-Seq
- Reconstruction de transcrits
- Assemblage de novo de transcriptomes
- Quantification

Pratique

- TP sur des données de type euraryote
- Contrôle qualité
- Nettoyage des données
- Alignement sur un génome de référence et épissage
- Visualisation de l'alignement
- Découverte de nouveaux transcrits
- Obtention d'un tableau de comptage

Lien avec d'autres modules

L'analyse statistique des résultats du type d'analyses bioinformatiques effectuées dans ce module est traitée dans le module 16 [Stats & RNA-seq].

Pré requis – Pratique avancée de la ligne de commande

Dates & Horaires	Durée	Intervenants	Tarifs
3 et 4 mai 2017 9H30 ~ 17h00	2 jours	Valentin Loux Cyprien Guérin	225 euros HT (INRA) 250 euros HT (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
19 avril 2017, le paiement sera dû.

Contacts

veronique.martin@jouy.inra.fr Tél. : 0134652974
formation.migale@jouy.inra.fr
<http://migale.jouy.inra.fr/?q=fr/formations>