

# Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2017

## 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
- Les grandes familles d'algorithmes de mapping de lectures courtes d'assemblage 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	Durée	Intervenants	Tarifs
14 mars 2017 9H30 ~ 17h00	1 jour	Valentin Loux Véronique Martin	175 euros HT (INRA) 195 euros HT (hors INRA)

Théorie : 20% - Pratique : 80% - 10 stagiaires par session - Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

---

Modalités de paiement	Conditions d'annulation
Uniquement par bon de commande	En l'absence d'annulation par mail avant le <b>28 février 2017</b> , le paiement sera dû.

---

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