

# Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2018

## Module 8bis : Analyse primaire de données issues de séquenceurs nouvelle génération sous Galaxy

\*

### Objectifs pédagogiques

Connaître les concepts et méthodes bioinformatiques utilisés pour l'analyse primaire de données issues de NGS.

Savoir effectuer un alignement sur un génome de référence, un assemblage de novo d'un génome bactérien

### Programme

#### Théorie

- Présentation des différents types de technologies de séquençage
- Les principes des 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
  - 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
15 mai 2018 9H30 ~ 17h00	1 jour	Valentin Loux Véronique Martin	175 euros HT (INRA) 195 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 **1<sup>er</sup> mai 2018**, le paiement sera dû.

### Contacts

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