

Environnement scientifique
et technique de la formation



Laboratoire d'informatique, de
robotique et de microélectronique de
Montpellier

<http://www.lirmm.fr>

ATGC

<http://www.atgc-montpellier.fr/>

RESPONSABLE

Eric RIVALS

Directeur de recherche
UMR 5506

LIEU

MONTPELLIER (34)

ORGANISATION

4,5 jours

Du lundi 9 h au vendredi 12 h

De 9 à 12 stagiaires

COÛT PÉDAGOGIQUE

1800 Euros

À L'ISSUE DE LA FORMATION

Evaluation de la formation par les
stagiaires

Envoi d'une attestation de formation

DATE DU STAGE

Réf. 17 010 : du lundi 27/03/2017 au
vendredi 31/03/2017

Janvier	Février	Mars 17 010	Avril
Mai	Juin	Juillet	Août
Sept.	Oct.	Nov.	Déc.

Bioinformatique pour le traitement de données de séquençage (NGS)

OBJECTIFS

- Comprendre les principes des méthodes d'analyse de données de séquençage à haut débit
- Comprendre les résultats obtenus, les paramètres et leur impact sur les analyses
- Savoir choisir et utiliser les principaux outils d'analyse
- Etre autonome pour utiliser un pipeline d'analyse
- Savoir manipuler les fichiers de séquences : préparation et filtration
- Savoir évaluer la qualité des données
- Savoir analyser les résultats avec ou sans génome de référence

PUBLIC

- Biologistes, professionnels des sciences du vivant ayant besoin d'analyser des données de séquençage
 - Ingénieurs ou chercheurs en bioinformatique
 - Bioanalystes
- Afin de vérifier l'adéquation du contenu aux attentes des stagiaires, il sera demandé aux candidats stagiaires de renvoyer le questionnaire téléchargeable sur notre site internet au moment de la pré-inscription.

PREREQUIS

- Notions de base en informatique : fichiers, répertoire...
- Notions du système linux et des lignes de commande
- Niveau master

PROGRAMME

- Linux : commandes de base
- Les données NGS : fichiers, manipulation de base
- Mapping : algorithmes, outils et pratique
- Prédiction de variations génomiques à grande échelle : méthodes et applications
- Assemblage de génome : méthodes et applications (short reads, long reads)
- Transcriptomique : prédiction de variants d'épissages à grande échelle : méthodes et applications
- Transcriptomique : comparaison d'échantillons issus de conditions différentes

Voir le programme détaillé téléchargeable sur notre site internet

Alternance de cours (15 h) et de TP (15 h)

EQUIPEMENT

Postes de travail sous linux avec logiciels installés

INTERVENANTS

*E. Rivals et D. Paulet (chercheurs) du LIRMM et plateforme ATGC-NGS
V. Lacroix (maître de conférences) et C. Marchet (ingénieure) du LBBE*