

Introduction à l'analyse des données de séquençage à haut débit en génomique fonctionnelle

Responsables : Stéphane LE CROM

Public et prérequis

Cette formation s'adresse en priorité aux personnels biologistes qui vont avoir à traiter les fichiers de résultats provenant du séquençage à haut débit de leurs échantillons et plus particulièrement ceux provenant d'expériences de génomique fonctionnelle (transcriptome, petits ARN, immunoprécipitation de la chromatine ou d'ADN méthylé).

Elle concerne aussi bien les chercheurs, les personnels techniques que les étudiants présents dans les laboratoires.

La connaissance de l'environnement Linux est un plus mais n'est pas indispensable.

Objectifs

Le but de cette formation est de permettre un premier contact avec les données obtenues en sortie des appareils de séquençage à haut débit, ceci dans le contexte des expériences de génomique fonctionnelle (RNA-Seq, Small RNA-Seq, ChIP-Seq et meDIP-seq).

À la fin de la formation, les participants seront capables :

- de savoir comment manipuler les fichiers en sortie des séquenceurs et de les convertir ;
- d'analyser la qualité des séquences obtenues ;
- de pouvoir visualiser leurs résultats dans un navigateur de génome.

Contenus

Cours d'introduction : les principales méthodes de séquençage à haut débit, la génération des fichiers en sortie des séquenceurs, les différents formats de données disponibles et le contrôle de la qualité des résultats ;

Travaux pratiques 1 : manipulation des fichiers de séquençage, conversions et extractions des données, contrôle de qualité des résultats ;

Travaux pratiques 2 : visualisation des données dans un navigateur de génome ;

Conférences : plusieurs conférenciers viendront présenter leur expérience d'utilisateur dans le domaine du séquençage à haut débit en génomique fonctionnelle.

Ces présentations seront réparties en trois après-midi autour des thématiques de génomique fonctionnelle. Ces séminaires aborderont les aspects biologiques du problème et également la bioinformatique de l'analyse des données.

Organisation

Durée du stage : 3 jours consécutifs (environ 21 heures) avec alternance de conférences et de pratique sur ordinateur.

Nombre de participants : minimum 8 - maximum 12.

La présence aux sessions pratiques est obligatoire.

Calendrier

1-3 juin 2016

Validation

Attestation de stage.

Tarif

890 €.

Mots-clés : Séquençage à Haut Débit, Génomique Fonctionnelle, Analyse des Données, RNA-Seq, ChIP-Seq, Immunoprécipitation de la Chromatine, Épigénétique, Bioinformatique, Next Generation Sequencing (NGS)

Contact administratif

Pôle sciences - Corinne VIDAL - 01 44 27 82 82

email : formation.continue@upmc.fr

Accueil : campus Jussieu – tour 14 – couloir 14/24 – 5^{ème} étage

4, place Jussieu – 75252 Paris cedex 05 – Métro Jussieu