



Photo W. Thomas

6^{ème} Ecole de bioinformatique AVIESAN – IFB 2017

Traitement des données de génomique obtenues par séquençage à haut débit

12-17 novembre 2017, Station Biologique, Roscoff

Objectifs

La formation s'adresse à des chercheurs et ingénieurs directement impliqués dans des projets "Next Generation Sequencing" (NGS). Cette édition de l'école s'adresse aux nouveaux enjeux technologiques: elle inclura notamment une ouverture aux technologies lectures longues, qui transforment les approches en matière d'assemblage de génomes et l'identification de transcrits pleine longueur, ainsi que trois ateliers optionnels (lectures courtes : RNA-seq, ChIP-seq, variants), et une introduction à l'intégration des données.

L'école vise à introduire les concepts et à manipuler les outils informatiques qui permettront aux participants d'analyser ensuite leurs propres données de séquençage. Elle sera basée sur une alternance de courtes sessions théoriques et d'ateliers pratiques. Les participants bénéficieront d'un tutorat personnalisé pour discuter de leur plan d'analyse, et effectuer les premières étapes de traitement de leurs propres données ou de celles de leur plateforme. **Attention** : cette formation n'a pas pour vocation de réaliser l'analyse complète des données des participants.

Participants

Cette formation est destinée aux biologistes (ingénieurs, doctorants, chercheurs, enseignants-chercheurs,...) confrontés à l'analyse de données NGS, et qui ne disposent pas des compétences bioinformatiques suffisantes.

Environnement de travail



Nouveau : L'ensemble de la formation reposera sur l'utilisation de commandes en ligne (terminal Linux) pour les analyses bioinformatiques, et du langage R pour les analyses statistiques.

Prérequis

Aucune connaissance préalable de l'environnement Linux ou R n'est requise: la formation débutera par une introduction aux commandes en ligne qui sera progressivement approfondie au fil des sessions thématiques.

Modalités d'inscription

Date limite de pré-inscription : 19 mai 2017 (sélection des participants : mi-juin 2017). Le nombre de places étant limité, le comité d'organisation sélectionnera les participants d'après les renseignements portés sur cette fiche. Le degré de maturité du projet scientifique impliquant l'analyse de données de séquençage sera un des critères d'évaluation.

Renseignements : ecole-bioinfo@aviesan.fr

Informations et inscriptions : <http://www.france-bioinformatique.fr/eba2017>

Frais d'inscription pour les personnels académiques : 500€HT=600€TTC (coût déjà couvert pour les personnels rémunérés par l'Inserm) ; pour les industriels : 1.750€HT=2.100€TTC. L'hébergement et la restauration sont inclus.

Coordination scientifique : Christophe Caron (INRA), Jacques van Helden (AMU), Matthias Zytnicki (INRA).

Enseignants/Encadrants : une vingtaine de formateurs provenant des organismes et universités suivants: CNRS, INRA, Inserm, AgroParisTech, Institut Curie, Institut Pasteur, Gustave Roussy, ENS, Aix-Marseille Université. Avec le soutien de l'Institut Français de Bioinformatique (IFB) et d'AVIESAN (Alliance Nationale pour les Sciences de la Vie et de la Santé).

Plateformes : ABiMS (CNRS/UPMC, Roscoff), BIOGER (INRA Grignon), C3BI (Institut Pasteur, Paris), eBIO (Univ. Paris Sud), IFB core (Gif-sur-Yvette), IGBMC (Strasbourg), Institut Curie - U900 (Paris), Institut Gustave Roussy (Villejuif), I2BC (Gif-sur-Yvette), Genotoul (Toulouse), Genouest (CNRS/IRISA, Rennes), MIAT (INRA Toulouse), Sigenae (INRA Toulouse), TAGC (Marseille).

Gestion : Christine Lemaitre (AVIESAN, ITMO GGB, Paris).