

Inter - Initiation aux traitements bioinformatiques des données du séquençage à haut débit de RNA-Seq

Du 16 au 20 novembre 2020

<p>Objectifs</p>	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Acquérir les connaissances de bases sur les méthodes de séquençage à haut débit. ▪ Comprendre les caractéristiques des données obtenues ▪ Connaître les principales méthodes/outils bioinformatiques spécifiques à l'analyse des données de NGS.
<p>Public Pré-requis</p>	<p>Biologistes (Chercheurs, Ingénieurs, Etudiants). Avoir une bonne expérience des outils bioinformatiques généraux (Ensembl, Blast, GO...)</p> <p>Joindre le questionnaire à votre demande d'inscription</p>
<p>Programme</p>	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Techniques de séquençages à haut débit (RNA-Seq, miRNA-Seq, ncRNA-seq...) ▪ Caractéristiques des données (single pair, paired-end, mate-pair, qualité, formats, bases de données...) ▪ Cartographie, assemblage, alignement des reads ▪ Principes mathématiques (indexation, BWT, graphes De Bruijn, quantification, recherche de pics...) ▪ Biais d'interprétation (répétitions, insertions, mutations, fusions...) ▪ Applications sur différents jeux de données RNA-Seq, analyse différentielle, nouveaux transcrits...
<p>Dates Lieu</p>	<p>Dates : du 16 au 20 novembre 2020</p> <p>Inscription avant le 6 octobre 2020 sur https://www.sirene.inserm.fr/</p> <p>Lieu : Paris 13^e</p>
<p>Contact</p>	<p>Nathalie Suzanne Chargée de développement RH</p> <p>formation.paris11@inserm.fr Tel 01 85 55 38 18</p> <p>INSERM DR Paris 11 Formation Continue 48-50 rue Albert 75640 Paris Cedex 13</p>