



photo W. Thomas

Ecole de bioinformatique

Initiation au traitement des données de génomique obtenues par séquençage à haut débit

17 au 23 Novembre 2013, Station Biologique, Roscoff

Objectifs

Les domaines des sciences du vivant liés à l'analyse du génome ont vu au cours des dernières années une accumulation explosive des données provenant des techniques de séquençage à haut débit. Les progrès accomplis ont considérablement augmenté les possibilités expérimentales dans des domaines tels que la génomique (séquençage de nouveaux génomes, variants génétiques), la transcriptomique (expression génétique, ARNs non codants) et les interactions ADN-protéine (immuno-précipitation de chromatine). AVIESAN organise une deuxième session de cette école dont les objectifs sont d'apporter aux biologistes des notions et une pratique leur permettant d'appréhender le traitement et l'analyse des données de séquençage à haut débit en utilisant un environnement logiciel convivial : Galaxy.

Programme

L'école comportera des séminaires introductifs, des cours et des travaux pratiques consacrés à l'initiation au traitement des données de transcriptome (RNA-seq), de microRNAs (mi-RNA-seq), d'interactome (ChIP-seq) et de génome (exome-seq, génome-seq). Les participants disposant de données pourront discuter de leur plan d'analyse et effectuer les premières étapes d'analyse de leurs données au cours de la dernière journée.

Participants

L'école est une initiation à l'utilisation des outils bioinformatiques dans un environnement Galaxy, plateforme dédiée à l'analyse des données de séquençage à haut débit. Cette formation est destinée aux biologistes (doctorants inclus) ayant déjà utilisé ou souhaitant utiliser ce type de données.

Modalités d'inscription

Remplir en ligne la fiche de [pré-inscription](https://enquetes.inra.fr/index.php?sid=42796&newtest=Y&lang=fr). (<https://enquetes.inra.fr/index.php?sid=42796&newtest=Y&lang=fr>) Le nombre de places étant limité à 40, le comité d'organisation sélectionnera les participants d'après les renseignements portés sur la fiche de pré-inscription. Le degré de maturité du projet scientifique impliquant l'analyse de données de séquençage sera un des critères d'évaluation.

Date limite de pré-inscription : 01/09/2013 (Sélection des participants : 15/09/2013)

Frais d'inscription : 500 € ; gratuit pour les personnels rémunérés par l'Inserm

Renseignements : AVIESAN- ITMO Génétique, Génomique et Bioinformatique, ecole-bioinfo@aviesan.fr

Coordination scientifique : Claude Thermes (CGM, Gif-sur-Yvette) - **Comité scientifique** : Julie Aubert (AgroParisTech/INRA), Christophe Caron (ABiMS, Roscoff), Erwan Corre (ABiMS, Roscoff), Thierry Frebourg (Inserm U1079, Rouen), Christine Gaspin (Genotoul, Toulouse), Philippe Glaser (Institut Pasteur, Paris), Thierry Grange (Institut Jacques Monod, Paris), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Alban Lermine (Institut Curie - U900, Paris), Stéphane Robin (AgroParisTech/INRA), Nicolas Servant (Institut Curie - U900, Paris), Claude Thermes (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Jacques van Helden (TAGC, Marseille), Matthias Zytznicki (URGI, INRA Versailles)

Enseignants/Encadrants : Julie Aubert (AgroParisTech/INRA), Maria Bernard (Sigenae, Jouy en Josas), Christophe Blanchet (IBCP, Lyon), Valentina Boeva (Institut Curie - U900, Paris), Chunlong Chen (CGM, Gif-sur-Yvette), Alexandre Cormier (ABiMS, Roscoff), Erwan Corre (ABiMS, Roscoff), Yves d'Aubenton-Carafa (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Romain Daveau (Institut Curie - U900, Paris), Matthieu Defrance (ULB, Bruxelles), Marc Deloger (IGR, Paris), Carl Herrmann (AMU, Marseille), Sophie Gallina (GEPV, Lille), Christine Gaspin (Genotoul, Toulouse), Elodie Girard (Institut Curie - U900, Paris), Thierry Grange (Institut Jacques Monod, Paris), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Bastien Job (eBIO, Villejuif), Gildas Le Corquillé (ABiMS, Roscoff), Alban Lermine (Institut Curie - U900, Paris), Yufei Luo (URGI, INRA Versailles), Sarah Maman (Sigenae, Toulouse), Sylvain Marthey (CRB, Jouy en Josas), Pierre Pericard (ABiMS, Roscoff), Denis Puthier (AMU, Marseille), Stéphane Robin (AgroParisTech/INRA), Olivier Rué (GenoToul, Toulouse), Nicolas Servant (Institut Curie - U900, Paris), Claude Thermes (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Morgane Thomas-Chollier (ENS, Paris), Jacques van Helden (TAGC, Marseille), Matthias Zytznicki (URGI, INRA Versailles)

Comité technique : Jean-Michel Aroumougom (ABiMS, Roscoff), Christophe Caron (ABiMS, Roscoff), Eric Duvignac (ABiMS, Roscoff), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Alban Lermine (Institut Curie - U900, Paris), Sarah Maman (Sigenae, Toulouse), Nicolas Servant (Institut Curie - U900, Paris)

Plateformes : ABiMS (Roscoff), eBIO (Univ. Paris sud), Genotoul (Toulouse), IMAGIF (Gif-sur-Yvette), Institut Curie - U900 (Paris), Sigenae (Toulouse), TAGC (Marseille), URGI (INRA Versailles)

Gestion : Christine Lemaître (AVIESAN, ITMO GGB, Paris), Charlotte Suhard (AVIESAN, Paris)

ITMO Génétique,
génomique et bio-informatique

