

**du 26 septembre - 9h au
30 septembre 2022 - 17h**

30 h

La bio-informatique est perçue comme un champ de recherche difficile d'accès malgré son rôle crucial dans l'analyse des données « omiques ». La diversité des approches, le foisonnement des outils et l'apparente complexité des compétences à développer pour être

efficace dans ce domaine sont un frein pour le néophyte, étudiant ou professionnel. Cette formation se propose de lever les premiers verrous et de permettre aux stagiaires de marquer une première étape vers l'autonomie dans l'analyse de données utilisant la bio-informatique

OBJECTIFS

- Se familiariser avec les concepts et outils de la bio-informatique appliqués au traitement des informations de séquençage massif et à l'analyse comparative des séquences biologiques
- Savoir les intégrer pour valoriser efficacement les données de séquençage à haut débit et répondre à des questions scientifiques (notamment en amélioration des plantes)

Public

Professionnels du secteur des semences et de l'amélioration des plantes
Chercheurs en biologie

TARIF

410 € nets de taxes/jour/participant soit 2050 € pour les 5 jours (non dissociables).

Agents Cirad, INRAE, et autofinancement : nous contacter

Déjeuners pris en charge par l'Institut Agro Montpellier - matériels pédagogiques inclus



METHODES ET SUPPORTS

PEDAGOGIQUES

Travaux dirigés en salle informatique introduits par des présentations plénières

Restitution d'expérience et discussion ouverte sur les projets scientifiques de participants

La dernière journée de formation est consacrée à une ré-application en autonomie de l'ensemble du savoir-faire acquis lors du stage

Encadrement pédagogique

Isabel Martin Grande, ingénieur pédagogique numérique, Institut Agro Montpellier

Responsable pédagogique

Jean-François Martin, Maître de Conférence

jean-francois.martin@supagro.fr

Intervenants

Alexandre Dehne-Garcia
Ingénieur INRAE

A LA FIN DU STAGE
VOUS SEREZ CAPABLE

De raisonner les choix et implications des différentes technologies de séquençage

D'enchaîner de façon pertinente un ensemble de traitements bio-informatiques des données de séquence

De mobiliser les méthodes et concepts manipulés dans des situations non explorées pendant la formation

Contenus et points clefs

Pré-requis exigés

Connaissance des grands concepts de génétique moléculaire

Traitement d'un fichier de données de séquences brut (séquençage comparatif de type génotypage par séquençage réalisé par les technologies de séquençage haut débit)

Analyse comparative de données de séquences, recherche de polymorphismes, caractérisation et exploitation des polymorphismes observés

Réalisation d'arbres phylogénétiques à partir d'un alignement de

séquences biologiques. Notion d'orthologie et paralogie.

Introduction à l'utilisation de la ligne de commande sous Linux, premières commandes et enchaînements de traitements sous forme de scripts.

Manipulation de données tabulaires en utilisant la ligne de commande, un tableur, et R

Ces analyse seront menées à bien en utilisant des machines virtuelles et Linux (aucune expérience préalable nécessaire)

Contact inscriptions

Sarah Hémici
Assistante Formation continue

☎ 04 99 61 23 56

sarah.hemici@supagro.fr

Date limite d'inscription
05/09/2022