

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

et points clefs

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

Pré-requis exigés

Connaissance des grands concepts de génétique moléculaire

Contact inscriptions

Sarah Hemic
Assistante Formation continue

☎ 04 99 61 23 56

sarah.hemici@supagro.fr

Date limite d'inscription

09/09/2024

www.institut-agro-montpellier.fr