



Photo W. Thomas

## Ecole de bioinformatique

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

14 au 18 Janvier 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, ARN non codants) et les interactions ADN-protéine (immuno-précipitation de chromatine). Les objectifs de l'école sont d'apporter aux biologistes des notions et une pratique leur permettant d'aborder le traitement et l'analyse de ce type de données.

#### Programme prévisionnel

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), de localisation génomique d'éléments de régulation (ChIP-seq) et de reséquençage (SNP).

Les participants disposant de données de RNA-seq, ChIP-seq ou DNA-seq/SNP pourront 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 la fiche de pré-inscription. 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 pris en compte.

**Date limite de pré-inscription : 12/11/2012**

Sélection des participants : 19/11/2012

Frais d'inscription incluant l'hébergement et les repas: 500 €

Renseignements : AVIESAN - ITMO Génétique, génomique et bioinformatique, [ecole-bioinfo@aviesan.fr](mailto:ecole-bioinfo@aviesan.fr)

**Comité scientifique** : Julie Aubert (AgroParisTech/INRA), Christophe Caron (ABiMS, SBR, Roscoff), Nathalie Choisne (URGI, INRA Versailles), Mark Cock (SBR, Roscoff), Erwan Corre (ABiMS, SBR, Roscoff), Dominique Daegelen (Inserm, Paris), Christine Gaspin (Genotoul, Toulouse), Daniel Gautheret (IGM, Orsay), Philippe Glaser (Institut Pasteur, Paris), Thierry Grange (Institut Jacques Monod, Paris), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Christophe Klopp (Genotoul, Toulouse), Alban Lermine (Institut Curie, Paris), Sarah Maman (Sigeneae, Toulouse), Stéphane Robin (AgroParisTech/INRA), Nicolas Servant (Institut Curie, Paris), Delphine Steinbach (URGI, INRA Versailles), Claude Thermes (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Héléne Touzet (LIFL, Lille), Jacques van Helden (TAGC, Marseille), Matthias Zytnicki (URGI, INRA Versailles)

**Enseignants/Encadrants** : Françoise Alfama (URGI, INRA Versailles), Julie Aubert (AgroParisTech/INRA), Maria Bernard (Sigeneae, Toulouse), Wilfrid Carré (ABiMS, SBR, Roscoff), Chunlong Chen (CGM, Gif-sur-Yvette), Nathalie Choisne (URGI, INRA Versailles), Alexandre Cormier (ABiMS, SBR, Roscoff), Erwan Corre (ABiMS, SBR, Roscoff), Sophie Gallina (GEPV, Lille), Christine Gaspin (Genotoul, Toulouse), Thierry Grange (Institut Jacques Monod, Paris), Justine Guégan (eBIO, IGR, Villejuif), Carl Herrmann (TAGC, Marseille), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Bastien Job (eBIO, IGR, Villejuif), Christophe Klopp (Genotoul, Toulouse), Gildas Le Corguillé (ABiMS, SBR, Roscoff), Alban Lermine (Institut Curie, Paris), Yufei Luo (URGI, INRA Versailles), Sarah Maman (Sigeneae, Toulouse), Sylvain Marthey (CRB, Jouy en Josas), Nacer Mohellibi (URGI, INRA Versailles), Delphine Naquin (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Pierre Péricard (ABiMS, SBR, Roscoff), Denis Puthier (TAGC, Marseille), Stéphane Robin (AgroParisTech/INRA), Sabrina Rodriguez (Sigeneae, Toulouse), Nicolas Servant (Institut Curie, Paris), Claude Thermes (IMAGIF, Gif-sur-Yvette), Jacques van Helden (TAGC, Marseille), Bruno Zeitouni (Institut Curie, Paris), Matthias Zytnicki (URGI, INRA Versailles)

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

**Plateformes** : ABiMS, SBR (Roscoff), eBIO (Univ. Paris Sud), Genotoul (Toulouse), IMAGIF (Gif-sur-Yvette), Institut Curie (Paris), Sigeneae (Toulouse), TAGC (Marseille), URGI (INRA Versailles)

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