



photo W. Thomas

3^{ème} Ecole de bioinformatique AVIESAN

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

5 au 10 Octobre 2014, 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) et modifications de la chromatine. AVIESAN organise une troisième 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), d'interactome (ChIP-seq) et de variations génomiques (SNP, CNV). Les participants disposant de données pourront discuter de leur plan d'analyse et effectuer les premières étapes de traitement 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 (chercheurs, doctorants, enseignants-chercheurs, ingénieurs, ...) ayant déjà utilisé ou souhaitant utiliser ce type de données.

Modalités d'inscription

Date limite de pré-inscription : 27/06/2014 (Sélection des participants : 11/07/2014)

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

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

Site Web (matériel de cours, informations complémentaires): <http://ecole-bioinfo-aviesan.sb-roscoff.fr/>

Frais d'inscription : 500 € (hébergement et restauration inclus); coût déjà couvert pour les personnels rémunérés par l'Inserm.

Coordination scientifique : Jacques van Helden (AMU, Marseille), Matthias Zytnicki (INRA, Toulouse).

Comité scientifique : Claude Thermes (CGM, Gif-sur-Yvette), Thierry Grange (AVIESAN/CNRS, Paris), Julie Aubert (AgroParisTech, Paris), Christophe Blanchet (CNRS IFB, Gif-sur-Yvette), Christophe Caron (CNRS, Roscoff), Erwan Corre (CNRS, Roscoff), Marc Deloger (IGR, Villejuif), Thierry Frebourg (Inserm U1079, Rouen), Sophie Gallina (Lille 1, Lille), Christine Gaspin (INRA, Toulouse), Olivier Inizan (INRA, Versailles), Alban Lermine (Institut Curie, Paris), Nicolas Servant (Institut Curie, Paris), Morgane Thomas-Chollier (ENS, Paris).

Enseignants/Encadrants : Julie Aubert (AgroParisTech, Paris), Maria Bernard (INRA, Jouy-en-Josas), Coline Billerey (CNRS, Paris Sud), Christophe Blanchet (CNRS IFB, Gif-sur-Yvette), Valentina Boeva (Institut Curie, Paris), Alexandre Cormier (CNRS, Roscoff), Erwan Corre (CNRS, Roscoff), Yves d'Aubenton-Carafa (CNRS, Gif-sur-Yvettes), Matthieu Defrance (ULB, Bruxelles), Marc Deloger (IGR, Villejuif), Sophie Gallina (Lille 1, Lille), Justine GUEGAN (ICM-IHU, Paris), Thierry Grange (CNRS, Paris), Carl Herrmann (AMU, Marseille), Olivier Inizan (INRA, Versailles), Bastien Job (IGR, Villejuif), Gildas Le Corguillé (UPMC, Roscoff), Alban Lermine (Institut Curie, Paris), Xi Liu (UPMC, Roscoff), Guillaume Meurice (IGR, Villejuif), Mishari Monsoor (CNRS, Roscoff), Denis Puthier (AMU, Marseille), Stéphane Robin (Agroparistech, Paris), Sabrina Rodriguez (INRA, Jouy en Josas), Olivier Sand (IBL, Lille), Nicolas Servant (Institut Curie, Paris), Claude Thermes (CNRS, Gif-sur-Yvettes), Morgane Thomas-Chollier (ENS, Paris), Jacques van Helden (AMU, Marseille), Matthias Zytnicki (INRA, Toulouse).

Comité technique : Jean-Michel Aroumougom (UPMC, Roscoff), Christophe Caron (CNRS, Roscoff), Eric Duvignac (CNRS, Roscoff), Sophie Gallina (Lille 1, Lille), Olivier Inizan (URGI, INRA Versailles), Alban Lermine (Institut Curie - U900, Paris), Nicolas Servant (Institut Curie - U900, Paris).

Plateformes : ABiMS (CNRS/UPMC, Roscoff), eBIO (Univ. Paris Sud), Genotoul (Toulouse), IMAGIF (Gif-sur-Yvette), Institut Curie - U900 (Paris), Sigenae (Toulouse), TAGC (Marseille), URGI (INRA Versailles), Gustave Roussy (Villejuif).

Gestion : Christine Lemaître (AVIESAN, ITMO GGB, Paris), Kristell Dervieux (AVIESAN, Paris).