



photo W. Thomas

## 4<sup>ème</sup> Ecole de bioinformatique AVIESAN

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

27 septembre au 2 octobre 2015, 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 quatrième école de bioinformatique, 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.

#### Participants

Cette formation est destinée aux biologistes (ingénieurs, doctorants, chercheurs, enseignants-chercheurs, ...) confrontés à l'analyse de données NGS, et qui ne disposent pas des compétences bioinformatiques suffisantes.

#### Contenu

La formation est une initiation à l'utilisation des outils bioinformatiques permettant d'aborder la diversité des applications du NGS. Cette école, qui se veut généraliste, sera organisée en deux groupes thématiques principaux: (1) régulation, transcriptome et épigénome et (2) variations génomiques. Elle couvrira une série de techniques dérivées du séquençage à haut débit: RNA-seq, CHIP-seq, identification et annotation de SNP, RAD-seq, assemblage de novo de RNA-seq. Le but de l'école est de couvrir plusieurs technologies largement utilisées, plutôt que de se concentrer sur une seule.

L'école sera basée sur des ateliers pratiques sous l'environnement convivial Galaxy.

Les participants sélectionnés pourront bénéficier d'un tutorat personnalisé pour discuter de leur plan d'analyse, et effectuer les premières étapes de traitement de leurs propres données ou de celles de leur plateforme (sans avoir la volonté de mener à bien l'analyse complète des données).

#### Modalités d'inscription

**Date limite de pré-inscription : 13 avril 2015** (Sélection des participants : début mai 2015)

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](mailto:ecole-bioinfo@aviesan.fr)

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

Frais d'inscription pour les personnels académiques : 500 € (coût déjà couvert pour les personnels rémunérés par l'Inserm); pour les industriels : 1750 €. L'hébergement et la restauration sont inclus.

**Coordination scientifique** : Christophe Caron (CNRS, Roscoff), Jacques van Helden (AMU, Marseille), Matthias Zytnicki (INRA, Toulouse).

**Enseignants/Encadrants** : 30 formateurs provenant des organismes et universités suivants: CNRS, IFB, INRA, Inserm, AgroParisTech, Institut Curie, Gustave Roussy, ENS, Aix-Marseille Université, UPMC, IRISA Rennes.

**Plateformes** : IFB core (Gif-sur-Yvette) , ABiMS (CNRS/UPMC, Roscoff), eBIO (Univ. Paris Sud), Genouest (CNRS/IRISA, Rennes), Genotoul (Toulouse), Institut Gustave Roussy (Villejuif), I2BC (Gif-sur-Yvette), Institut Curie - U900 (Paris), MIAT (INRA Toulouse), Sigenae (Toulouse), TAGC (Marseille), URGI (INRA Versailles).

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