

Nouveau

Analyse RNAseq sous Galaxy

Responsable(s) : CORRE Erwan – FR2424 – UPMC, Station biologique de Roscoff

Public et prérequis

- **Public visé :** Chercheurs, ingénieurs et techniciens, bioinformaticiens ou biologistes ayant des besoins en analyse de données d'expression/transcriptomique de type RNAseq

Prérequis : connaissance de l'environnement Galaxy, expérience en traitement de séquences.

Objectifs

- **Objectif général :** connaître les principales méthodes et les principaux outils d'analyse de données RNAseq *de novo* ou avec génomes de référence.
- **Objectifs opérationnels :** utiliser les outils d'analyse de données RNASeq dans l'environnement Galaxy :
 - Évaluer la qualité du jeu de données brutes,
 - mettre en place des stratégies de nettoyage du jeu de données,
 - assembler un jeu de données *de novo* et/ou *remapper* les jeux de données sur un génomes / transcriptome de référence,
 - annoter un transcriptome,
 - identifier les gènes différemment exprimés.

Contenus

Jour 1 :

- Rappels : Galaxy,
- Construction d'une expérience de RNAseq
- Méthodes de nettoyage de données brutes
- Approche d'assemblage *de novo*

Jour 2 :

- Approche d'assemblage avec référence
- Analyse de l'expression des transcrits, analyse de l'expression différentielle
- Annotation fonctionnelle

METHODES PEDAGOGIQUES :

30% Théorie – 70% Pratique. Etude de cas

EQUIPE PEDAGOGIQUE

Intervenants de la plate-forme ABiMS :

Erwan Corre, Gildas Le Corguillé, Xi Liu

La plateforme de bioinformatique ABiMS propose depuis de nombreuses années son soutien à la recherche en

Contacts Pédagogiques

[Erwan Corre <corre@sb-roscoff.fr>](mailto:corre@sb-roscoff.fr)

[Mark Hoebeke <mark.hoebeke@sb-roscoff.fr>](mailto:mark.hoebeke@sb-roscoff.fr)

UPMC - SBR

biologie marine. À ce titre elle est impliquée notamment dans de nombreux projets de génomique et transcriptomique sur différentes organismes couvrant un large spectre du vivant. La plateforme a par ailleurs développé de fortes compétences dans l'environnement Galaxy (développement, intégration et mise à disposition d'outils, formation de la communauté). Dans un contexte où très peu de génomes de référence sont disponibles pour les organismes marins, la plateforme propose une expertise forte dans l'analyse de RNAseq *de novo* et a mis à disposition de la communauté sur son instance Galaxy les outils nécessaires pour analyser ce type de données (en complément des analyses plus traditionnelles avec génomes de référence). Depuis quatre ans, près de 200 personnes ont pu bénéficier d'une formation RNAseq sous l'environnement Galaxy.

Plus d'informations : <http://abims.sb-roscoff.fr/>

Organisation

- Durée et Rythme : 14h, soit 2 jours consécutifs
- Matériel nécessaire : un poste de travail sera fourni à chaque inscrit pour la durée de la formation.
- Nombre de Participants : **9 minimum** et 18 maximum
- Lieu de formation : Station Biologique de Roscoff – Place Georges Teissier – 29680 Roscoff

Hébergement et Restauration : possibilité sur place à prix compétitifs (*fiche de réservation et devis sur demande à la Station biologique de Roscoff*).

Calendrier

- Dates : 20 & 21 mars 2017.
- Organisation d'une session sur mesure, en INTRA entreprise : nous consulter

Validation

- Validation de la formation : Attestation de stage.

Tarif

600€

- Personnel « académique » des réseaux partenaires de la région Bretagne : -20%

- Personnel EMBRC (Stations marines de l'UPMC : SBR, OOV, OOB) : -50% (sur inscription et prise en charge validées auprès des services de formation des personnels (UPMC et CNRS).

Mots-clés : analyse de données, bio-informatique, Galaxy, séquences, transcriptomique, assemblage RNAseq, analyse différentielle, annotation, workflows

Administratifs

Audrey Vidal – 01 44 27 82 82

<mailto:audrey.vidal@upmc.fr>

UPMC – Formation continue