

Bioinformatique pour la génomique

 ECTS
5 crédits Volume horaire
35h

Présentation

Objectifs

Finalités. Cette UF permettra d'acquérir les connaissances et les compétences nécessaires pour manipuler les données issues des approches expérimentales faisant appel au séquençage haut débit dit de 2ème et 3ème génération, pour :

1. Générer un génome ou un transcriptome de référence.
2. Annoter ces séquences en cherchant les régions géniques et en prédisant leur fonction.
3. Aligner des séquences haut débit sur ces génomes de référence pour chercher des variants alléliques (SNP calling).
4. Identifier l'épigénome par séquençage bisulfite et par ChiP-Seq.
5. Analyser les données issues du séquençage haut débit pour caractériser les métagénomés.

Objectifs. L'étudiant devra être capable d'utiliser les outils bio-informatiques installés sur un cluster de calcul pour générer, annoter et exploiter un génome ou un transcriptome de référence.

Infos pratiques

Lieu(x)

➤ Toulouse