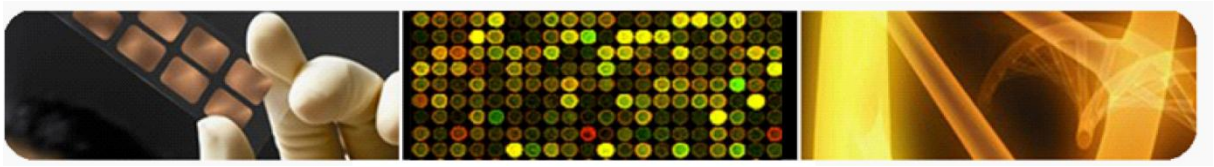

Transcriptome :

Puces à ADN, séquençage haut débit et outils d'analyse

OBJECTIFS

Appréhender et comprendre les différents types d'analyse du transcriptome et les méthodologies associées (puces à ADN, séquençage haut débit)

Savoir choisir le type d'outils selon l'application et les questions expérimentales

Mettre en œuvre un traitement de données issues d'une analyse du transcriptome

PROGRAMME

Théorique :

- Différents types d'analyse des transcrits et choix des méthodes appropriées
- Présentation des techniques actuelles de mise en œuvre des puces à ADN
- Présentation des techniques de séquençage à haut débit
- Initiation aux bases de données de séquences, d'annotations et de génomique fonctionnelle

Pratique

- Traitement de données issues de puces à ADN
- Traitement de données issues de séquençage haut débit
- Analyses intégrées : caractérisation des réseaux géniques modulés, conclusions biologiques à l'aide de logiciels de « Data Mining »

Effectif maximum : 12

Durée : 2 journées