

Programme

- Jeudi –26 Mai 9h – 17h :
 - 9h Accueil des participants
 - 9h30 Mot de Bienvenu
 - 10h Pause Café
 - 10h30 Démarrage de la formation : Traitements bio-informatiques :

- Vendredi- 27 mai 9h – 17h :
 - Traitements bio-informatiques :
 - Nettoyage des données de séquençage
 - Alignement sur un génome de référence ou approche sans génome de référence
 - Appel de SNPs et obtention d'un fichier VCF

- Samedi – 28 mai 9h– 13h30:
 - Traitements bio-informatiques :
 - Nettoyage des données de séquençage
 - Alignement sur un génome de référence ou approche sans génome de référence
 - Appel de SNPs et obtention d'un fichier VCF

- Lundi – 30 mai 9h30 – 17h:
 - Les formats des fichiers de données NGS : VCF, PED, Plink
 - Nettoyage d'un fichier VCF

- Mardi – 31 mai 9h – 17h:
 - Quelques rappels sur le logiciel R
 - Caractérisation de la diversité génétique

- Mercredi – 1er juin 9h – 17h :
 - Analyse de la structure génétique
 - Les approches d'identification de signatures de sélection

- Jeudi – 2 juin 9h – 17h:
 - Les approches d'identification de signatures de sélection
 - Scripts R et représentation des régions sous sélection

- Vendredi – 3 juin 9h – 17h:
 - Génétique d'association (GWAS) : le lien entre phénotypes et génotypes