



Le réseau régional d'ingénieurs en bioinformatique de Lille et le PPF bioinformatique vous convient à une conférence Mercredi 12 décembre 2012, à 14h, Amphithéâtre de l'Institut de Biologie de Lille, 1, rue du Pr Calmette, LILLE.

Alignement de lectures, la spécificité d'abord

Dr Mikael Salson – LIFL Equipe Bonsai – Université Lille1

Le traitement des lectures issues des séquenceurs à haut débit commence souvent par une phase d'alignement. Une pléthore de logiciels existe pour réaliser cette tâche. On peut cependant généralement les séparer en deux grandes catégories : les aligneurs à base d'index totaux, privilégiant la spécificité ; les aligneurs à base de graines, privilégiant la sensibilité.

Après avoir présenté les deux grandes familles, je me concentrerai plus particulièrement sur la première (la seconde donnera lieu à une autre présentation). Je donnerai des évaluations des outils les plus répandus, et me concentrerai ensuite sur l'aspect transcriptomique et ses aspects les plus particuliers : lectures contenant une jonction exon-exon ou un transcrit de fusion. Je présenterai enfin CRAC, un outil développé avec des collègues à Montpellier, pour l'analyse de lectures transcriptomiques et le comparerait aux outils existants (BWA, TopHat, GSNAP, ...).

Contact : sophie.gallina@univ-lille1.fr

