



L'unité Evo-Eco-Paléo, Bilille et le PPF bioinformatique vous convient à une conférence jeudi 25 Juin 2015, de 9h à 10h, à l'université de Lille1, Bâtiment SN2, Salle des conseils (rdc). Cette conférence sera suivie d'un tutoriel de 10h30 à 17h00. L'inscription est obligatoire avant le 05/06/2015 pour le tutoriel (limité à 15 participants). Contact : [sophie.gallina@univ-lille1.fr](mailto:sophie.gallina@univ-lille1.fr)

## Séquençage de type RAD-seq, présentation et traitement analytique

*Yvan Le Bras<sup>1</sup>, Anthony Bretaudeau<sup>1,2</sup>, Cyril Monjeaud<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Plateforme GenOuest & CNRS UMR 6074 IRISA-INRIA, Rennes

<sup>2</sup>INRA, UMR IGEPP & Plateforme BIPAA, Rennes

La technologie RAD sequencing propose le séquençage de fragments de génome obtenus après digestion par enzymes de restriction. Cette technique permet d'accéder à des informations contenues sur l'ensemble d'un génome sans devoir séquençer l'intégralité de ce dernier. Elle propose donc une alternative à coût modéré du séquençage complet et ainsi facilite son utilisation dans des domaines nécessitant un fort effort de séquençage en terme de nombre d'individus et/ou de loci, comme c'est le cas en génomique des populations ou génétique quantitative. A travers cette présentation, nous proposons d'introduire la technologie Rad-seq et un type de traitement bio-informatique utilisant le pipeline STACKS.

