



Formation Initiation à Galaxy

Objectifs

- Savoir quand utiliser Galaxy dans vos travaux de recherches;
- Découvrir les fonctionnalités courantes de Galaxy, et savoir les utiliser: manipulation de fichiers, manipulation d'historique, création de chaînes de traitement, récupération des résultats sur son poste de travail;
- Savoir se connecter à l'instance Galaxy bilille, et l'utiliser.

Public concerné

Biologistes ou médecins désirant découvrir le traitement bioinformatique de données, en particulier de données omiques, via une interface conviviale : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, assistants ingénieurs, doctorants, post-doctorants.

Pré-requis

- Savoir utiliser un ordinateur;
- Savoir naviguer sur Internet;
- Être familier avec un type de données omiques, telles que puces à ADN ou séquençage à haut débit.

Contenu

- Manipulation de base de fichiers (texte, tabulé...) : formatage de fichier, tri, filtre, sélection, concaténation, fusion, jointure...
- Illustration des fonctionnalités autour d'un exemple : analyse différentielle d'expression de gènes à partir de données de puces.

Organisation

La formation sera composée d'une partie d'introduction théorique et d'exercices pratiques sur ordinateur. Les exercices auront lieu sur l'instance Galaxy bilille, qui est ouverte au public et restera accessible après la formation.

Effectif

12 personnes maximum.

Intervenants

Samuel Blanck (bilille), Isabelle Guigon (bilille), Gaël Even (Gènes Diffusion)