

RNA-seq Analysis Using Galaxy/Analyse RNA-seq à l'aide de Galaxy (en français)



 11-13 Août, 2025
 Montréal, Québec

 \$360 + taxes avant le 11 Juillet
 \$560 + taxes jusqu'au 28 Juillet

 En personne
 Bourses disponibles

Description du cours



La recherche biologique génère d'énormes quantités de données de séquençage de nouvelle génération (NGS), y compris le RNA-seq. Alors que la plupart des outils bioinformatiques requièrent des connaissances importantes en programmation, la plateforme Galaxy permet aux chercheurs d'effectuer des analyses à l'aide d'une interface graphique.

Par le biais de conférences et de travaux pratiques, ce cours CBW de 3 jours **en français** fournira aux participants une compréhension complète des principes fondamentaux de l'analyse RNA-seq et les compétences nécessaires pour effectuer cette analyse eux-mêmes sans avoir besoin d'apprendre la ligne de commande.

Que vais-je apprendre ?

À l'issue de cet atelier, les participants auront acquis de l'expérience technique et des nouvelles compétences dans les domaines suivants :

- Comprendre les protocoles de préparation des bibliothèques pour le RNA-seq et les plans d'expérience
- Utiliser Galaxy pour effectuer des analyses bioinformatiques, gérer des projets et produire des flux de travail
- Évaluer la qualité des données de RNA-seq et procéder à l'élagage des lectures
- Cartographier les données de RNA-seq sur un génome de référence avec STAR
- Visualiser les alignements de RNA-seq avec IGV
- Effectuer des analyses avancées, y compris des estimations d'expression génique, des analyses d'expression génique différentielle, des analyses en composantes principales (ACP), des analyses d'enrichissement et des regroupements.



En savoir plus et postuler sur
bioinformatics.ca

RNA-seq Analysis Using Galaxy/Analyse RNA-seq à l'aide de Galaxy (en français)

Description du cours



La recherche biologique génère d'énormes quantités de données de séquençage de nouvelle génération (NGS), y compris le RNA-seq. Alors que la plupart des outils bioinformatiques requièrent des connaissances importantes en programmation, la plateforme Galaxy permet aux chercheurs d'effectuer des analyses à l'aide d'une interface graphique.

Par le biais de conférences et de travaux pratiques, ce cours CBW de 3 jours **en français** fournira aux participants une compréhension complète des principes fondamentaux de l'analyse RNA-seq et les compétences nécessaires pour effectuer cette analyse eux-mêmes sans avoir besoin d'apprendre la ligne de commande.

Que vais-je apprendre ?

À l'issue de cet atelier, les participants auront acquis de l'expérience technique et des nouvelles compétences dans les domaines suivants :

- Comprendre les protocoles de préparation des bibliothèques pour le RNA-seq et les plans d'expérience
- Utiliser Galaxy pour effectuer des analyses bioinformatiques, gérer des projets et produire des flux de travail
- Évaluer la qualité des données de RNA-seq et procéder à l'élagage des lectures
- Cartographier les données de RNA-seq sur un génome de référence avec STAR
- Visualiser les alignements de RNA-seq avec IGV
- Effectuer des analyses avancées, y compris des estimations d'expression génique, des analyses d'expression génique différentielle, des analyses en composantes principales (ACP), des analyses d'enrichissement et des regroupements.



Workshop Details

-  11-13 Août, 2025
-  Montréal, Québec
-  En personne
-  Bourses disponibles
-  \$360+taxes avant le 11/07
-  \$560+taxes jusqu'au 28/07



En savoir plus et postuler sur
bioinformatics.ca