

Formation	Public concerné	Objectif
Phylogénie moléculaire	Chercheurs et ingénieurs	Acquérir des connaissances théoriques et pratiques en phylogénie moléculaire Être autonome dans la conduite d'une analyse phylogénétique Maîtriser le choix, le paramétrage et l'exploitation des résultats des programmes de phylogénie
Bioinformatique pour le traitement de données de séquençage (NGS)	Biologistes, professionnels des sciences du vivant ayant besoin d'analyser des données de séquençage Ingénieurs ou chercheurs en bioinformatique Bioanalystes	Comprendre les principes des méthodes d'analyse de données de séquençage à haut débit Comprendre les résultats obtenus, les paramètres et leurs impacts sur les analyses Savoir choisir et utiliser les principaux outils d'analyse Être autonome pour utiliser un pipeline d'analyse Savoir manipuler les fichiers de séquences : préparation et filtration Savoir évaluer la qualité des données Savoir analyser les résultats avec ou sans génome de référence
Phylogénie moléculaire – formation de base	Chercheurs et ingénieurs	Savoir inférer un arbre phylogénétique et l'interpréter
Analyse avancée de séquences	Ingénieurs et chercheurs	Savoir rechercher des informations dans les banques de données Maîtriser les outils d'analyse de séquences tels que les alignements et savoir interpréter les résultats Maîtriser les formats et les analyses des nouvelles données issues du séquençage (NGS) Savoir utiliser l'environnement Galaxy
Bioinformatique pour la métagénomique	Biologistes, professionnels des sciences du vivant ayant besoin d'analyser des données de séquençage, ingénieurs ou chercheurs en bioinformatique, bioanalystes	Comprendre les principes des méthodes d'analyse : métabarcoding (par séquençage à haut débit) et métagénome (par approche shotgun) Comprendre les résultats obtenus, les paramètres et leur impact sur les analyses Savoir utiliser les principaux outils d'analyse Être autonome pour exécuter un pipeline d'analyse
Langage R : introduction	Ingénieurs, techniciens biologistes ou bioinformaticiens de formation	Acquérir les bases pour l'utilisation du langage R Savoir manipuler et visualiser de grands ensembles de données biologiques
Analyses NGS avec R	Ingénieurs, techniciens biologistes et bioinformaticiens de formation	Savoir analyser des séquences venant de reads NGS Savoir déterminer les ARN messagers différentiellement exprimés à l'aide de données RNA-seq Être capable d'enrichir les résultats en utilisant des bases de connaissances

Formation	Public concerné	Objectif
ChIP-seq, RNA-seq et Hi-C : traitement, analyse et visualisation de données	Ingénieurs et chercheurs biologistes	Savoir planifier une expérience simple de type ChIP-seq ou RNA-seq Savoir évaluer la qualité des données obtenues dans le cadre de la régulation des gènes (ChIP-seq) et de l'analyse du transcriptome (RNA-seq) Maîtriser les principales méthodes et outils d'analyse des données ChIP-seq et RNA-seq Savoir les visualiser dans un navigateur de génome et en extraire les coordonnées des pics enrichis Savoir manipuler et annoter les fichiers d'enrichissement (bedtools) Maîtriser les principales méthodes d'analyse des données Hi-C et de génération des cartes de contact chromosomique
Analyses bioinformatiques avec Python	Scientifiques et biologistes (ingénieurs et chercheurs) qui souhaiteraient se former aux procédures standards utilisées en bioinformatique avec Python	Savoir mener des analyses standards en bioinformatique avec Python et Biopython Accéder à l'information disponible dans les ressources en ligne à partir d'un script Python Être capable d'enrichir les résultats en utilisant des bases de données Apprendre à se servir des librairies Python pour présenter graphiquement ses résultats
Analyse bioinformatique des séquences nucléiques et protéiques	Chercheurs, ingénieurs ou techniciens en biologie et santé	Savoir exploiter les ressources bioinformatiques publiques pour mener une analyse de séquences Savoir utiliser les logiciels de prédiction de gènes et d'annotation de protéines
Bioinformatique pour le traitement de données de séquençage (NGS)	Biologistes, professionnels des sciences du vivant ayant besoin d'analyser des données de séquençage Ingénieurs ou chercheurs en bioinformatique, bioanalystes	Comprendre les principes des méthodes d'analyse de données de séquençage à haut débit Comprendre les paramètres des méthodes et leur impact sur les résultats Apprendre à identifier les outils d'analyse en fonction du jeu de données Être autonome pour utiliser un pipeline d'analyse Savoir manipuler les fichiers de séquences : extraction, préparation, filtrage / nettoyage Savoir analyser des données de séquençage de génomes (avec ou sans génome de référence) Savoir analyser des données d'expression (avec ou sans génome de référence)
Bioinformatique : alignement et comparaison de séquences nucléiques et protéiques	Chercheurs, ingénieurs ou techniciens en biologie et santé	Découvrir les différents types d'alignement pour les séquences protéiques et nucléiques Savoir construire, analyser et exploiter des alignements de séquences nucléotidiques ou protéiques Comprendre les paramètres des logiciels utilisés
Phylogénie moléculaire – formation avancée	Chercheurs et ingénieurs	Être capable de tester des hypothèses et d'ajuster des modèles permettant de comprendre l'évolution à l'échelle moléculaire

Formation	Public concerné	Objectif
Scripts en Python pour la bioinformatique et environnement Linux	Biologistes, bioanalystes, professionnels des sciences du vivant ayant besoin d'analyser des données	Connaître les principes et les avantages du système Linux Connaître et savoir utiliser les commandes de base permettant de lancer des programmes sous Linux Comprendre et savoir lancer des scripts Être capable d'écrire des scripts en Python Acquérir de l'autonomie pour effectuer des analyses bioinformatiques qui combinent plusieurs outils