



**ATTENTION
HORAIRE AVANCÉ !**



Mardi 8 mars 2016, 09:30

Grande salle de réunion

**VERS UN MEILLEUR FILTRAGE DES DONNÉES DE
SÉQUENÇAGE
POUR LES ANALYSES DE DIVERSITÉ ENVIRONNEMENTALE**

par

Frédéric Mahé, UMR LSTM

- 📍 Les approches de métagénomique ciblée (visant par exemple des fragments des gènes 16S, 18S ou ITS) sont devenues routinières sans qu'un réel consensus ait été atteint sur les meilleures stratégies de préparation et nettoyage des données de séquençage.
- 📍 Je présenterai mes travaux concernant le *clustering*, la détection de chimères et le filtrage basé sur la qualité.

Unité mixte de recherche

UMR LSTM

Laboratoire des
symbioses tropicales
et méditerranéennes

