

Méthodes de préparation des échantillons biologiques pour le séquençage nouvelle génération (NGS) : Applications à l'analyse du génome, du méthylome et du régulome d'échantillons complexes

Date & Horaire	10 et 11 octobre 2019 – 8H45 à 17H30
Lieu	Délégation Régionale Paris 5, 2 rue d'Alésia, 75014 Paris
Public visé	Techniciens, Ingénieurs, Chercheurs
Programme	<p>Les différentes technologies de séquençage nouvelle génération</p> <p>Les différentes techniques de séquençage</p> <p>Les différentes applications du NGS à l'analyse de la structure du génome (DNAseq), des interactions ADN/protéines (DNAseq), Faire seq, ChIP-seq, ATAC-seq) du méthylome (BS-seq, MEDIP-seq, RRBS etc...) et des réarrangements de séquences (TN-seq, INS-seq).</p> <p>Les techniques de prélèvements et de conservation des échantillons biologiques pour le séquençage d'ADN</p> <p>Prélèvements cliniques frais ou congelés</p> <p>Prélèvement à partir de culture cellulaire</p> <p>Prélèvement à partir de milieux hétérogènes et complexes (eau, air, sols)</p> <p>Milieux difficiles (urine, expectorations, fécès, fluides biologiques) A partir de Tissus FFPE</p> <p>Prélèvements biologiques de terrain destinés aux applications de Metatranscriptome (microbiome)</p> <p>Discussion sur les milieux de conservation (RNAlater, solution alcoolique, milieu de lyse, Trizol ...)</p> <p>Les techniques d'extraction des ADN et les contrôles qualité</p> <p>Les techniques d'amplification des ADN</p> <p>Les techniques d'enrichissement et de réduction de complexité avant séquençage :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Les techniques d'enrichissement d'ADN avant séquençage - Enrichissement d'Exome - Les différentes techniques de capture « à façon » - Méthode Rad-seq (restriction site DNA sequencing) - Méthode RRBS (region restriction bisulfite sequencing) - Techniques basée sur l'analyse d'amplicons - Enrichissement de génomes viraux ou bactériens à partir de tissus ou fluides biologiques - Les méthodes de customisation

	<p>Les techniques d'enrichissement cellulaire avant analyse du génome, méthylome et régulome :</p> <p>Microdissection par capture laser Tri manuel Tri par FACS (Fluorescence Activated Cell Sorting) Tri par gradient de densité Tri sur billes magnétiques Tri par microfluidique Les préparations de librairies</p> <p>Analyse de génomes</p> <p>Analyse du méthylome et de l'acétylome</p> <p>Analyse du régulome</p> <p>Méthodes de préparation librairies pour l'étude du génome et du Méthylome à partir de cellule unique</p> <p>Application sur des cas concrets et discussion.</p>
Formateur	Monsieur Joël LACHUER
Contact	<p>Inscriptions</p> <p>Sur : www.sirene.inserm.fr avant le 10 septembre 2019</p> <p>Contact : Diane - VILLA</p> <p>Assistante Formation : diane.villa@inserm.fr</p> <p>2, rue d'Alésia 75014 PARIS - tél. : 01 40 78 49 11</p> <p>Service Formation : formation.paris5@inserm.fr</p>