

Les nouvelles générations de séquençage haut débit

Dates & Horaire	20 au 21 avril 2020 - 8H45 – 17H
Effectif	8 personnes maximum
Lieu	VWR International S.A.S Le périgares – bat B – 201 rue Carnot 94126 Fontenay Sous-Bois
Public visé	La formation s'adresse aux personnels qui ont été initiés aux techniques de NGS, qui maîtrisent déjà des concepts d'analyse moléculaire et ayant des bases de bio-informatique. Il s'agit d'appréhender des stratégies d'analyses de séquences issues de NGS. Cette formation ne s'adresse pas à des bio-informaticiens mais à du personnel de laboratoire qui souhaite avoir un regard critique sur des résultats issus de données brutes NGS.
Programme	<p>Tout le travail applicatif se fait en ligne après création d'un compte sur https://usegalaxy.org</p> <p>Jour 1</p> <ul style="list-style-type: none"> • Traitement de données issues de fichiers FASTQ • Réaliser un contrôle de qualité des séquences • Couper et optimiser la qualité des séquences • Faire une analyse comparative de plusieurs fichiers FASTQ • Alignement de séquences sur une séquence de référence <p>Jour 2</p> <ul style="list-style-type: none"> • Analyse de données issues de RNAseq • Adapter les séquences et les assembler • Comprendre l'analyse multi-gènes • Recherche de variants • Quantification d'expressions
Formateur	<p>Christian Siatka, PhD Docteur en pharmacogénétique, biochimie biologique cellulaire et moléculaire DU de toxicologie clinique, DEA de Biologie Santé Ingénieur INSA en Biotechnologie-génie biomoléculaire Fonctions : Professeur associé à l'Université de Nîmes, Administrateur et directeur à l'école de l'ADN</p>
Contact	<p>Service Formation : formation.paris5@inserm.fr Assistante Formation : diane.villa@inserm.fr</p>