

Les nouvelles générations de séquençage haut débit

Dates & Horaire	11 au 12 février 2021 – 8h45 – 17h00
Effectif	8 personnes maximum
Lieu	VISIO CONFERENCE
Public visé	<p>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.</p> <p>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.</p>
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 issue 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 biologie cellulaire et moléculaire DU de toxicologie clinique, DEA de Biologie Santé - Ingénieur INSA en Biotechnologie-génie biomoléculaire</p> <p>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</p> <p>Assistante Formation : catherine.rogers@inserm.fr</p>