

## Initiation au séquençage haut débit

*Inter régions - Présentiel*

<b>Dates &amp; Horaire</b>	<b>Deux sessions possibles :</b> <b>30 mars 2022</b> - 08h45 - 17h00 <b>15 juin 2022</b> - 08h45 - 17h00
<b>Effectif</b>	7 personnes maximum par session
<b>Lieu</b>	VWR INTERNATIONAL - rue d'Aurion – Rosny-Sous-Bois <i>La formation est susceptible d'être dispensée en visio selon l'évolution de la situation sanitaire</i>
<b>Public visé</b>	La formation s'adresse aux personnels qui souhaitent découvrir et/ou actualiser leurs connaissances sur les nouvelles générations de séquençage et l'exploitation de données de séquences. La formation permet d'acquérir les connaissances nécessaires pour mieux comprendre les aspects liés à l'analyse de données brutes issues de séquençage haut débit
<b>Programme</b>	<p><b>MATIN</b></p> <p>Les fondamentaux de génomique :          Structure des génomes          Développement des marqueurs basés sur des séquences NGS : Next Generation Sequencing :</p> <p>Evolution des techniques de séquençage, utilité et perspectives.          NGS seconde génération :          Chimie et artifices techniques de chaque technologie, Capacité de séquençage          Forces et faiblesses          Roche, Thermo Fisher Scientific, Illumina          La technologie MiSeq          NGS troisième génération          Pacific Biosciences          Principe technique et chimique, Capacité et utilité          NGS quatrième génération          Nanopore</p> <p><b>APRES-MIDI</b></p> <p>Traitements bioinformatiques des données          Structure des gènes et principe de l'annotation          - Structure des gènes eucaryotes,          - Polymorphisme de séquences (codant, non-codant., intron, exon, répété, intergénique...),          - Stratégies d'études de polymorphismes SNP,          - Systèmes d'annotation, Catalogues de gènes</p> <p>- Classes fonctionnelles de gènes          - Bases de données de séquence          - Les standards (séquences et informations fonctionnelles)</p>

	<ul style="list-style-type: none"><li>- Bases de données de séquences,</li><li>- Bases de données de génomes,</li><li>- Exemples d'assemblage de génomes et stratégie de mapping sur un génome.</li></ul>
<b>Formateur</b>	Christian Siatka, PhD Fonctions : Professeur associé à l'Université de Nîmes, Administrateur et directeur à l'école de l'ADN
<b>Inscriptions</b>	Sur <a href="https://www.sirene.inserm.fr/jetspeed/">https://www.sirene.inserm.fr/jetspeed/</a> <b>Date limite d'inscription :</b> <b>Session 1 : 1<sup>er</sup> mars 2022</b> <b>Session 2 : 16 mai 2022</b>
<b>Contact</b>	Assistante Formation : <a href="mailto:catherine.rogers@inserm.fr">catherine.rogers@inserm.fr</a> Service Formation : <a href="mailto:formation.dr-idfcn@inserm.fr">formation.dr-idfcn@inserm.fr</a>