

Initiation au séquençage haut débit

En distanciel – Formation Inter régions

Dates et Horaire	16 mai 2024 – 09h00-17h00
Objectifs	Comprendre les principes fondamentaux du séquençage haut débit Maîtriser les techniques et les étapes clés du séquençage haut débit Analyser et interpréter les données générées par le séquençage haut débit
Lieu	Formation à distance (FOAD)
Public visé	Cette 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.
Programme	<p>MATIN LES FONDAMENTAUX DE GENOMIQUE : Structure des génomes Développement des marqueurs basés sur des séquences</p> <p>NGS : NEXT GENERATION SEQUENCING Evolution des techniques de séquençage, utilité et perspectives. NGS seconde génération : Chimie et artifices techniques de chaque technologie, Capacité de séquençage Forces et faiblesses NGS troisième génération Pacific Biosciences NGS quatrième génération Nanopore</p> <p>APRES-MIDI 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 Classes fonctionnelles de gènes</p> <p>Bases de données de séquence Les standards (séquences et informations fonctionnelles) Bases de données de séquences Bases de données de génomes Exemples d'assemblage de génomes et stratégie de mapping sur un génome</p>
Effectif	8 personnes maximum
Formateur	Christian SIATKA, PhD Professeur associé à l'Université de Nîmes, Administrateur et directeur à l'école de l'ADN
Inscription	Sur https://www.sirene.inserm.fr/jetspeed/ Date limite d'inscription : 11 avril 2024
Contacts	Assistante Formation : catherine.rogers@inserm.fr Chargée de Formation : valeria.florez@inserm.fr