

Méthodes de préparation des échantillons biologiques pour le séquençage nouvelle génération (NGS) : applications à l'analyse du transcriptome et du mirnome d'échantillons complexes

Inter-régions - Présentiel

Dates & Horaire	28 au 29 mars 2024 (2 jours) – 09h00 – 17h00
Objectifs	<ul style="list-style-type: none"> • Préparer des échantillons biologiques pour le séquençage nouvelle génération (NGS) • Découvrir et identifier les techniques d'amplification des ARN et MIRNA • Identifier les techniques d'isolement des cellules • Identifier les techniques d'extraction des ARN et MIRNA • Identifier les différentes technologies de séquençage nouvelle génération
Lieu	Formation en présentiel : Paris 13 – Délégation Régionale Paris IDF Centre-Nord
Public concerné	Techniciens, Ingénieurs, Chercheurs
Programme	<ul style="list-style-type: none"> • Les différentes technologies de séquençage nouvelle génération <ul style="list-style-type: none"> • Les différentes technologies de séquençage • Les différentes applications du NGS à l'analyse de l'expression des ARN (RNAseq, GRO-seq, RIPseq...) et de leur structure (SHAPE-seq...) • Les techniques de prélèvements et de conservation des échantillons biologiques pour le séquençage d'ARN et DEMIRNA <ul style="list-style-type: none"> • Prélèvements cliniques frais ou congelés • Prélèvement à partir de culture cellulaire • Prélèvement à partir de milieux hétérogènes et complexes • Milieux difficiles • A partir de Tissus FFPE • Prélèvements biologiques de terrain destinés aux applications de Metatranscriptome (microbiome) • Discussion sur les milieux de conservation (RNAlater, solution alcoolique, milieu de lyse,Trizol..) • Les techniques d'extraction des ARN et MIRNA et les contrôles qualité • Les techniques d'amplification DES ARN et MIRNA • Les techniques d'enrichissement et de réduction de complexité avant séquençage <ul style="list-style-type: none"> • Les techniques d'enrichissement d'ARN avant séquençage • Les différentes techniques de capture « à façon » d'ARN • Le séquençage d'amplicons • Enrichissement d'ARN de pathogènes (virus, bactéries) à partir de

	<ul style="list-style-type: none"> • cellules hôtes ou de milieux biologiques complexes • Les techniques d'enrichissement cellulaire avant analyse du transcriptome • Microdissection par capture laser • Tri manuel • Les préparation Tri par FACS (Fluorescence Activated Cell Sorting) • Tri par gradient de densité Tri sur billes magnétiques • Tri par microfluidique <ul style="list-style-type: none"> • Les préparations de bibliothèques pour l'analyse du transcriptome et du mirnome • Méthodes de préparation de bibliothèques rnaseq et small rnaseq à partir de cellule unique • Applications sur des cas concrets et discussion les techniques d'isolement de cellules • Les techniques d'isolement de cellules <ul style="list-style-type: none"> • 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 techniques d'amplification d'ADN ou ARN issus de cellules uniques • Méthodes de préparation de bibliothèques à partir de microquantité d'acides nucléiques application des technologies de microfluidiques • Exemples d'applications
Effectif	10 maximum
Formateur	Joël LACHUER - BioSciences
Inscriptions	Sur https://www.sirene.inserm.fr/jetspeed/ Date limite d'inscription : 21 février 2024
Contacts	Assistante Formation : catherine.rogers@inserm.fr Chargée de Formation : valeria.florez@inserm.fr