

## Les nouvelles générations de séquençage (NGS) – Niveau initié *Inter régions - En présentiel*

**Du 19 au 20 novembre 2024**

|                               |   |
|-------------------------------|---|
| <b>Objectifs</b>              | <ul style="list-style-type: none"><li>○ Comprendre et appliquer les techniques avancées de traitement des données NGS.</li><li>○ Développer une capacité critique pour analyser et interpréter les résultats NGS.</li><li>○ Faciliter l'intégration des résultats NGS dans des projets de recherche ou des études cliniques</li><li>○ Améliorer la prise de décision basée sur les données NGS</li></ul>  |
| <b>Durée</b>                  | Du 19 au 20 novembre 2024   |
| <b>Lieu</b>                   | VWR INTERNATIONAL – Rosny-sous-Bois – Rue d'Estréau   |
| <b>Public</b>                 | <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>   |
| <b>Programme</b>              | <p>Tout le travail applicatif se fait en ligne après création d'un compte sur <a href="https://usegalaxy.org">https://usegalaxy.org</a></p> <p><b>JOUR 1 :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Traitement de données issue de fichiers FASTQ</li><li>• Réaliser un contrôle de qualité des séquences</li><li>• Couper et optimiser la qualité des séquences</li><li>• Faire une analyse comparative de plusieurs fichiers FASTQ</li><li>• Alignement de séquences sur une séquence de référence</li></ul> <p><b>JOUR 2 :</b></p> <ul style="list-style-type: none"><li>• Analyse de données issues de RNAseq</li><li>• Adapter les séquences et les assembler</li><li>• Comprendre l'analyse multi-gènes</li><li>• Recherche de variants</li><li>• Quantification d'expressions</li></ul> |
| <b>Formateur</b>              | <p>Christian SIATKA, PhD</p> <p>Fonctions : Professeur associé à l'Université de Nîmes, Administrateur et directeur à l'école de l'ADN</p>  |
| <b>Modalités pédagogiques</b> | <p>Exposés théoriques, échanges et discussions, études de cas concrets et retour d'expérience.</p> <p>Remise de documents pédagogiques.</p>   |
| <b>Contact</b>                | <p>Inscription sur Sirène : <a href="https://www.sirene.inserm.fr/">https://www.sirene.inserm.fr/</a></p> <p>Région : Ile-de-France</p> <p>Inserm DR IDF-Paris Centre Nord</p> <p>Formation continue</p> <p>Mail : <a href="mailto:formation.dr-idfcn@inserm.fr">formation.dr-idfcn@inserm.fr</a></p>   |