

Initiation au séquençage haut débit

Inter régions - Distanciel

Dates & Horaire	21 OCTOBRE 2026 - 08h45 - 17h00
Effectif	8 personnes maximum
Lieu	VWR INTERNATIONAL - rue d'Aurion – Rosny-Sous-Bois
Public visé et objectif	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. Elle permet d'acquérir les connaissances nécessaires pour mieux comprendre les aspects liés à l'analyse de données brutes issues de séquençage haut débit
Programme	MATIN LES FONDAMENTAUX DE GENOMIQUE : Structure des génomes Développement des marqueurs basés sur des séquences 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 Roche, Thermo Fisher Scientific, Illumina La technologie MiSeq - NGS troisième génération - Pacific Biosciences Principe technique et chimique, Capacité et utilité - NGS quatrième génération Nanopore 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 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.
Formateur	Christian Siatka, PhD Fonctions : Professeur associé à l'Université de Nîmes, Administrateur et directeur à l'école de l'ADN
Inscriptions	Sur https://www.sirene.inserm.fr/jetspeed/ Date limite d'inscription : 19 SEPTEMBRE 2026
Contact	kamelia.brahami@inserm.fr catherine.rogers@inserm.fr