

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 2/6 : Analyses de variants

Le cycle de formation « Analyses de données de séquençage haut-débit » est constitué de six modules :

- 1) Analyses ADN
- 2) Analyses de variants**
- 3) Métagénomique
- 4) Analyses ChIP-seq
- 5) Analyses RNA-seq - partie 1 (bioinformatique)
- 6) Analyses RNA-seq - partie 2 (biostatistique)

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois, maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping) est nécessaire à la bonne compréhension des modules suivants. De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des participants qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.

Cette formation est proposée par la plate-forme de bioinformatique et biostatistique de Lille, bilille : <https://wikis.univ-lille.fr/bilille>

OBJECTIFS	<ul style="list-style-type: none"> - Comprendre les grands principes de la détection de variants - Réaliser les différentes étapes du post-traitement des données d'alignement à la détection de variants - Adapter l'analyse en fonction du type de données NGS générées - Comprendre la structure des données de variants - Savoir annoter des variants - Etre capable d'interpréter une liste de variants grâce aux outils libres disponibles
PUBLIC CONCERNÉ	Biologistes et médecins : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants
PRÉ-REQUIS	<ul style="list-style-type: none"> - Etre familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy ») - Avoir suivi le module 1/6 « Analyses ADN » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et leur alignement.
CONTENU	<ul style="list-style-type: none"> - Introduction et rappels des notions de base (pré-traitement des fichiers bam) - Présentation des algorithmes de détection de variants - Format de données : vcf, bed - Présentation des problématiques constitutionnel et somatique - Découverte de différentes bases de données d'annotation publiques en Génétique Humaine (1000 Genomes, HapMap, ExAc, dbSNP, ClinVar, COSMIC, GnomAD, ...) - Annotation des variants à l'aide de l'outil VeP (région exonique, HGVS...) - Introduction à la détection de variants structuraux <p>Les travaux pratiques seront focalisés sur l'homme.</p>

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit »

Module 2/6 : Analyses de variants

MÉTHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy ou sur Internet
DATES	Du 24 au 26 mars 2021 (2,5 jours)
INTERVENANTS	Emilie Ait Yahya, Bioinformaticienne, Cellule bio-informatique du Plateau Commun de Biologie Moléculaire, CHRU Lille Benjamin Grenier-Boley, Bioinformaticien, Institut Pasteur de Lille
EFFECTIF	Un groupe de 10 personnes
LIEU	Campus Hospitalo Universitaire de Lille (faculté de médecine)
INSCRIPTIONS	Avant le 6 janvier 2021

	Jennifer Chouchaoui Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr
	Dorothee TERRY Inserm DR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : dorothee.terryn@inserm.fr
	Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr