

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

### *Module 3/6 : Métagénomique*

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>

<b>OBJECTIFS</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Connaître les différentes méthodes de séquençage à haut débit pour la métagénomique, avec leurs avantages et leurs limites : métagénomique ciblée, métagénomique génomes entiers, métatranscriptomique</li> <li>- Comprendre les différentes étapes analytiques du traitement bioinformatique des données et savoir les mettre en œuvre</li> <li>- Savoir conduire une analyse statistique pour l'estimation de la richesse de la biodiversité</li> <li>- Aller jusqu'aux conclusions biologiques</li> </ul>
<b>PUBLIC CONCERNÉ</b>	Biologistes et médecins : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants
<b>PRÉ-REQUIS</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Etre familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy »)</li> <li>- 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. Etre familier avec le vocabulaire et les étapes de base de l'analyse de données de séquençage : nettoyage, assemblage, mapping</li> </ul>
<b>CONTENU</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Définitions : métagénomique ciblée (16S, OTU, ASV...), métagénomique génomes entiers, métatranscriptomique</li> <li>- Présentation des approches algorithmiques et outils logiciels pour le clustering, l'assignation taxonomique, l'assemblage : Qiime2</li> <li>- Analyses statistiques pour l'estimation de la richesse des échantillons (beta-diversité, alpha-diversité...).</li> <li>- Assignation taxonomique en métagénomique complète et métatranscriptomique, assemblage et annotation fonctionnelle</li> </ul>

## Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit » Module 3/6 : Métagénomique

<b>MÉTHODE</b>	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy
<b>DATES</b>	Du 26 au 28 mai 2021 (3 jours)
<b>INTERVENANTS</b>	Ségolène Caboche, IR Université de Lille, équipe TAG Hélène Touzet, DR CNRS, UMR 9189, CRISAL Gaël Even, Ingénieur Gènes Diffusion Pierre Pericard, IR Université de Lille, bilille, UMS PLBS
<b>EFFECTIF</b>	Un groupe de 10 personnes
<b>LIEU</b>	Université de Lille (Campus Cité Scientifique)
<b>INSCRIPTIONS</b>	Avant le 6 janvier 2021

	<b>Jennifer Chouchaoui</b> Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : <a href="mailto:jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr">jennifer.chouchaoui@univ-lille.fr</a>
	<b>Dorothee TERRY</b> 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 : <a href="mailto:dorothee.terryn@inserm.fr">dorothee.terryn@inserm.fr</a>
	<b>Pierre SILVEIRA</b> 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 : <a href="mailto:dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr">dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr</a>