

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

Module 1/5 : Analyses ADN

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

- 1) **Analyses ADN (ouvert tous les ans)**
- 2) Analyses de variants (ouvert en 2024)
- 3) Métagénomique (ouvert en 2023)
- 4) Analyses ChIP-seq (ouvert en 2024)
- 5) Analyses RNA-seq (ouvert tous les ans)




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 de Lille, bilille : <https://wikis.univ-lille.fr/bilille>

OBJECTIFS	<ul style="list-style-type: none"> - Apprendre à manipuler des données de séquençage d'ADN - Réaliser des contrôles de qualité et du nettoyage des lectures - Présenter les méthodes et outils d'alignement - Réaliser des contrôles de qualité et des alignements sur une référence - Introduction à l'assemblage des lectures sans référence - Utiliser la plateforme Galaxy pour ces analyses
PUBLIC CONCERNÉ	Biologistes et médecins : enseignant-e-s-chercheur-se-s, chercheur-se-s, ingénieur-e-s, technicien-ne-s, doctorant-e-s contractuel-le-s, post-doctorant-e-s
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 »)
CONTENU	<ul style="list-style-type: none"> - Introduction aux technologies de séquençage haut débit (NGS) et aux méthodes de préparation des bibliothèques de séquençage - Présentation générale des différentes applications du séquençage haut débit (DNA-seq, RNA-seq,...) - Présentation d'un protocole classique pour des analyses de données de séquençage d'ADN - Introduction aux formats des données NGS (<i>fastq pour les séquences, sam/bam pour les alignements</i>) et aux différents scores de qualité - Rappel sur l'utilisation de la plateforme Galaxy - Contrôle qualité des lectures et nettoyage (FastQC, Trimmomatic) - Présentation des méthodes et outils d'alignement sur un génome de référence et de l'influence des différents paramètres (Bowtie2, BWA) - Visualisation des alignements (IGV) - Contrôle de qualité et filtrage de l'alignement (ex : Samtools, Deeptools) - Notions d'assemblage génomique

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit » Module 1/5 : Analyses ADN

	<p>Les parties pratiques sur Galaxy aborderont entre autre</p> <ul style="list-style-type: none"> - L'importation et l'exportation de données - Les bonnes pratiques pour la gestion des datasets et des historiques - La création et l'utilisation d'un workflow Galaxy
MÉTHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy
DATES	8 et 9 Mars 2023 (2 jours)
INTERVENANTS	Pierre Pericard, IR Université de Lille, Bilille, UAR 2014 PLBS Hélène Touzet, DR CNRS, UMR 9189, CRISTAL
EFFECTIF	Un groupe de 12 personnes
LIEU	Bâtiment ESPRIT (Campus Cité Scientifique)
INSCRIPTIONS	Avant le 5 Décembre 2022

	<p>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</p>
	<p>Dorothee TERRYN 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</p>
	<p>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</p>