

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

Module 3/5 : Métagénomique

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"> - Connaître les différentes méthodes de séquençage à haut débit pour la métagénomique, avec leurs avantages et leurs limites : métagénomique ciblée, métagénomique génomes entiers, métatranscriptomique - Comprendre les différentes étapes analytiques du traitement bioinformatique des données et savoir les mettre en œuvre - Savoir conduire une analyse statistique pour l'estimation de la richesse de la biodiversité - Aller jusqu'aux conclusions biologiques
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"> - Être familier avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation bilille « Initiation à Galaxy ») - Avoir suivi le module 1/5 « Analyses ADN » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et leur alignement. Être familier avec le vocabulaire et les étapes de base de l'analyse de données de séquençage : nettoyage, assemblage, mapping
CONTENU	<ul style="list-style-type: none"> - Définitions : métagénomique ciblée (16S, OTU, ASV...), métagénomique génomes entiers, métatranscriptomique - Présentation des approches algorithmiques et outils logiciels pour le clustering, l'assignation taxonomique, l'assemblage : Qiime2 - Analyses statistiques pour l'estimation de la richesse des échantillons (beta-diversité, alpha-diversité...). - Assignation taxonomique en métagénomique complète et métatranscriptomique, assemblage et annotation fonctionnelle

Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit » Module 3/5 : Métagénomique

MÉTHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy
DATES	du 4 au 6 Avril 2023 (3 jours)
INTERVENANTS	Ségolène Caboche, IR Université de Lille, équipe TAG, UAR 2014 PLBS Hélène Touzet, DR CNRS, UMR 9189, CRISAL Gaël Even, Ingénieur, Gènes Diffusion Pierre Pericard, IR Université de Lille, Bilille, UAR 2014 PLBS
EFFECTIF	Un groupe de 12 personnes
LIEU	Pôle Formation de la Faculté de Médecine de l'Université de Lille
INSCRIPTIONS	Avant le 5 Décembre 2022

	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 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.terrryn@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