

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

Module 5/5 : Métagénomique

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

- 1) Analyses ADN
- 2) Analyses RNA-seq
- 3) Analyses ChIP-seq
- 4) Analyses de variants
- 5) **Métagénomique**

Ces modules peuvent être suivis indépendamment. Toutefois maîtriser le contenu du module 1 (nettoyage et qualité des données, mapping, assemblage) 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.

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 CONCERNE	Biologistes et médecins: enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants
PRE-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 1/5 « Analyses ADN » de ce cycle ou toute autre formation permettant de justifier de connaissances sur les données de séquençage haut débit et leur alignement. Etre 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, ...), métagénomique génomes entiers, métatranscriptomique - Présentation des approches algorithmiques et outils logiciels pour le clustering, l'assignation taxonomique, l'assemblage : Qiime, mothur... - Analyses statistiques pour l'estimation de la richesse des échantillons (beta-diversité, alpha-diversité...).
METHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy

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

DATES	Du 6 au 8 décembre 2017 (dates prévisionnelles)
INTERVENANTS	Ségolène Caboche, IR Université Lille 2, Equipe Transcriptomics and Applied Genomics Hélène Touzet, DR CNRS, UMR 9189, CRISTAL Rayan Chikhi, CR CNRS, UMR 9189, CRISTAL En collaboration avec <i>bilille</i> , la plateforme de bioinformatique de Lille
EFFECTIF	Un groupe de 12 personnes
LIEU	Université de Lille
INSCRIPTIONS	Avant le 10 janvier 2017

	Anne-Sophie LECLERCQ Université des Sciences et Technologies de Lille, Cité Scientifique-Bâtiment A3, Service du Personnel-Formation Continue, 59655 VILLENEUVE D'ASCQ Cedex Tél.: 03 20 33 70 71. Fax : 03 20 33 59 72. Courriel : Anne-Sophie.Grare@univ-lille1.fr
	Dorothee TERRYN Inserm ADR 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 : pierre.silveira@dr18.cnrs.fr
	Nadia BENYAHIA Université Lille 2 - Université du Droit et de la Santé, 42 rue Paul Duez, 59800 LILLE Tél.: 03 20 96 43 37. Fax : 03 20 88 24 32. Courriel : nadia.benyahia@univ-lille2.fr