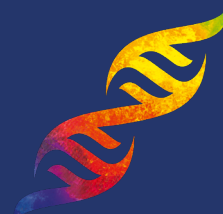




*Nos offres de
formations 2022*



SOMMAIRE

<u>À propos de nos formations</u>	03
---	----

<u>Formations en bioinformatique</u>	04
---	----

<u>Contrôle qualité de données NGS</u>	05
--	----

<u>Assemblage <i>de novo</i></u>	06
--	----

<u>Annotation de séquences et recherches par BLAST</u>	07
--	----

<u>Recherche de variants génétiques</u>	08
---	----

<u>Formation en métagénomique</u>	09
--	----

<u>Approche analytique pour l'étude à haut débit des communautés microbiennes</u>	10
---	----



À PROPOS DE NOS FORMATIONS

Nos formations vous permettront de gagner en autonomie sur vos analyses bioinformatiques, d'assimiler les bases théoriques et d'obtenir des compétences mobilisables pour utiliser et configurer des outils indispensables à la génération de résultats robustes, à partir de vos données NGS.



L'ensemble de ces formations sont dispensées par nos experts. Les sessions sont structurées par une alternance de périodes d'explications théoriques et d'exercices d'applications pour vous permettre au mieux d'assimiler les notions et comprendre le fonctionnement des outils abordés.



Chaque outil utilisé sera présenté individuellement afin de comprendre au mieux son fonctionnement, ses prérequis, ses limites. Les résultats obtenus à chaque étape seront explicités et commentés, facilitant ainsi leur interprétation.



NOS FORMATIONS EN BIOINFORMATIQUE

Afin de répondre au mieux à tous vos besoins, notre offre de formation en bioinformatique se décline sous deux formats : des sessions fixes avec des modules de formation à la carte ou des sessions personnalisées avec des modules qui s'adapteront à vos besoins.

SESSIONS FIXES

L'ensemble de nos formations sont réalisées avec l'interface utilisateur :  **Galaxy**



INTERFACE UTILISATEUR :

- Utilisation de la plateforme libre Galaxy.
- Facilité de prise en main des outils.
- Pas besoin d'infrastructure de calcul.
- Pas besoin d'écrire une seule ligne de code !

FORMULE À PRÉFÉRER

 économique

 facile d'accès

Travaillez avec les jeux de données fournis par GenoScreen sur nos programmes de formation élaborés par nos experts bioinformaticiens.

Consultez-nous pour obtenir les dates des prochaines sessions de formation.

SESSIONS PERSONNALISÉES

Choisissez entre l'utilisation d'une interface utilisateur ou allez plus loin avec l'utilisation des outils via la ligne de commande.



LIGNE DE COMMANDE :

- Contrôlez au mieux vos analyses et comprenez le fonctionnement des outils en profondeur.
- Obtenez la capacité d'utiliser n'importe quel outil disponible sur le marché.

FORMULE FLEXIBLE

 personnalisable

 d'expertise

Organisez une session de formation quand vous le souhaitez, abordez des thèmes particuliers, utilisez vos propres données NGS.

Une formation d'une journée pour l'initiation à la ligne de commande est également dispensée pour vous fournir toutes les clés nécessaires à son utilisation.





FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

CONTRÔLE QUALITÉ DES DONNÉES NGS (RÉFÉRENCE : GFBQCN)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session fixe : 500 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 25/10/22 au 28/10/22

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

60 % théorique et 40 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en biologie moléculaire, théorie des technologies NGS.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur sous Linux, Mac OS ou Windows capable de se connecter à internet.

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs ou toute autre personne souhaitant acquérir les bases du contrôle qualité des séquences.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat maîtrisera les techniques d'analyse de la qualité brute, le choix des paramètres de filtrage et sera en mesure de détecter la présence d'un contaminant dans un jeu de données. La finalité de cette formation est l'obtention d'un jeu de données de qualité suffisante pour la réalisation d'autres analyses bioinformatiques en aval. Cette formation abordera le traitement des données issues des technologies de séquençage Illumina® et Oxford Nanopore Technologies®.

▶ PROGRAMME

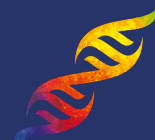
- Rappel du format FASTQ et contrôle de la qualité de données brutes.
- Description des métriques telles que l'appel de bases (basecalling), les distributions en contenu GC, les méthodes de détection de contamination biologique.
- Choix des paramètres de filtrages pour différents jeux de données.
- Obtention et interprétation des statistiques descriptives d'un jeu de données brutes et d'un jeu de données filtrées.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776





FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

ASSEMBLAGE *DE NOVO* (RÉFÉRENCE : GFBASN)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session fixe : 500 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 25/10/22 au 28/10/22

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

60 % théorique et 40 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en biologie moléculaire, théorie des technologies NGS, maîtrise du contrôle qualité des données NGS.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur sous Linux, Mac OS ou Windows capable de se connecter à internet.

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs ou toute autre personne souhaitant découvrir et gagner en autonomie sur les techniques d'assemblage et d'analyse de données génomiques.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de cette formation, le candidat disposera des clés théoriques et pratiques pour réaliser un assemblage *de novo* de génomes à partir de données issues des technologies « short reads » (Illumina®) et « long reads » (Oxford Nanopore Technologies® et Pacific Biosciences®). Une attention particulière sera portée sur la compréhension des avantages et des limites des différentes approches possibles pour l'assemblage *de novo* de génomes. L'accent sera aussi mis sur le contrôle qualité des assemblages réalisés en insistant sur les paramètres à observer et sur l'évaluation de la qualité globale d'un assemblage.

▶ PROGRAMME

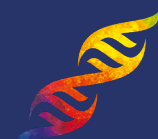
- Introduction au concept général d'assemblage *de novo*.
- Présentation théorique des algorithmes d'assemblages.
- Assemblage *de novo* à partir de données « short read ».
- Assemblage *de novo* hybride avec données « short read » et « long read ».
- Contrôle qualité des assemblages.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776





FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

ANNOTATION DE SÉQUENCES ET RECHERCHES PAR BLAST (RÉFÉRENCE : GFBMBB)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session fixe : 500 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 25/10/22 au 28/10/22

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

70 % théorique et 30 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en biologie moléculaire, théorie des technologies NGS.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur sous Linux, Mac OS ou Windows capable de se connecter à internet.

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs ou toute autre personne souhaitant acquérir les bases de l'annotation de séquences.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de cette formation, le candidat disposera des clés théoriques et pratiques pour réaliser une annotation de séquences pour des génomes procaryotes et eucaryotes. Les différentes stratégies d'annotation structurale et fonctionnelle seront abordées et des exemples pratiques viendront compléter cette formation pour identifier les gènes présents dans un génome et décrire leur(s) fonction(s). Durant cette formation, une importance particulière sera apportée à l'utilisation optimisée de BLAST (« Basic Local Alignment Search Tool ») pour l'interrogation de bases de données permettant de comparer/annoter/identifier des séquences nucléiques ou protéiques. La compréhension et l'aptitude à établir les paramètres optimaux seront couplées à la connaissance des métriques afin d'interpréter au mieux les résultats.

▶ PROGRAMME

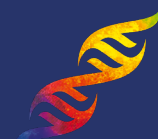
- Introduction à l'annotation de séquences, rappels sur la structure des gènes.
- Description des différentes méthodes d'annotation structurales et fonctionnelles pour les génomes procaryotes et eucaryotes.
- Explication des différentes variantes de BLAST : BLASTn, megaBLAST, BLASTp, BLASTx, tBLASTx, etc.
- Utilisation de BLAST sur des bases de données publiques ou privées.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776





FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

RECHERCHE DE VARIANTS GÉNÉTIQUES
(SUBSTITUTION, INSERTION, DÉLÉTION) (RÉFÉRENCE : GFBMUT)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

1 journée

PRIX

Session fixe : 950 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 25/10/22 au 28/10/22

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

60 % théorique et 40 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en biologie moléculaire, théorie des technologies NGS.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur sous Linux, Mac OS ou Windows capable de se connecter à internet.

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs ou toute autre personne souhaitant acquérir les bases de la recherche de variants génétiques pour les mutations ponctuelles (substitution, insertion, délétion).

▶ OBJECTIFS

L'objectif principal de cette formation est l'obtention des bases théoriques de l'appel de variants, notamment les mutations ponctuelles comprenant les substitutions mais aussi les petites insertions et délétions (indels) à partir de données de séquençage à haut-débit.

▶ PROGRAMME

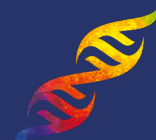
- Rappels théoriques sur les différentes classes de variants génétiques et leur mode de détection grâce aux données de séquençage à haut-débit.
- Mapping de données sur un génome de référence.
- Présentation d'un workflow d'appel de variant.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776



NOTRE FORMATION EN MÉTAGÉNOMIQUE



Devenez autonome pour le traitement des données de métagénomique ciblée.



Découvrez et utilisez les outils d'analyse de la diversité taxonomique de microbiotes d'intérêt.



Réalisez des analyses statistiques pour estimer la richesse de la biodiversité dans vos échantillons.



LES AVANTAGES



autonomie



contrôle





FORMATION EN MÉTAGÉNOMIQUE CIBLÉE

APPROCHE ANALYTIQUE POUR L'ÉTUDE À HAUT DÉBIT
DES COMMUNAUTÉS MICROBIENNES

Du prélèvement au traitement bioinformatique des données (RÉFÉRENCE : GFMBMC)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

1 jour

PRIX

Session fixe : 950 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 25/10/22 au 28/10/22

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

50 % théorique et 50 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en microbiologie, génomique et biologie moléculaire, aptitudes de base avec l'outil informatique (bureautique) et notions de la ligne de commande sous Linux.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur par participant sous Linux, Mac OS ou Windows avec MobaXterm de pré-installé (logiciel gratuit).

▶ PARTICIPANTS

Docteurs et ingénieurs dans le domaine académique ou industriel, souhaitant renforcer ses connaissances théoriques et s'initier au traitement bioinformatique des données NGS en métagénomique.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat sera autonome sur le traitement standard des données de métagénomiques (plateforme Illumina®), saura comprendre les outils d'analyse de la diversité taxonomique de microbiotes d'intérêt (étapes, outils disponibles, paramétrages possibles et présentation des données) et réaliser des analyses statistiques pour estimer la richesse de la biodiversité.

▶ PROGRAMME

1^{ère} demi-journée : théorie

- La diversité microbienne : domaine de la vie, habitats.
- Les approches d'identification : culturelles vs moléculaires.
- Les approches moléculaires dites globales : techniques méta « omiques », étude des microbiomes / microbiotes.
- Rappel sur les technologies de séquençage de nouvelle génération.
- Préparation et contrôle de l'ADN métagénomique.
- Construction des bibliothèques d'amplicons.
- Séquençage NGS Illumina MiSeq.

2nd demi-journée : applications pratiques avec traitement de données bioinformatiques

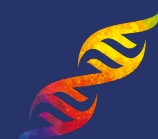
- Appréhension des données brutes.
- Traitement primaire des données : démultiplexage, contrôle qualité, trimming, réassociation des lectures paires, détection et élimination des chimères.
- Création des OTUs, affiliation taxonomique : découverte et utilisation du pipeline QIIME2 pour la création des OTUs, leur nettoyage et l'affiliation taxonomique finale.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776





1 rue de Professeur Calmette
59 000 Lille - FRANCE
Téléphone : +33(0) 362 263 777
www.genoscreen.fr



SERVICE COMMERCIAL
commercial.dept@genoscreen.fr
Téléphone : +33 (0)3 62 26 37 76

