



*Nos offres de
formations 2021*



SOMMAIRE :

Formations en Bioinformatique

Linux et la ligne de commande	01
Contrôle qualité de données NGS	02
Assemblage de novo	03
Annotation de séquences	04
Maîtrise de BLAST	05
Détection de variants par mapping	06

Formation en Métagénomique

Approche analytique pour l'étude à haut débit des communautés microbiennes	07
---	----

FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

LINUX ET LA LIGNE DE COMMANDE (RÉFÉRENCE: GFBCMD)



Linux

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

1 jour

PRIX

Session inter-entreprises : 800 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 50 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Aptitudes de base avec l'outil informatique en général (traitement de texte, Internet, fichiers).

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant s'initier et acquérir une base solide dans l'utilisation de la ligne de commande.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat possèdera les outils théoriques et pratiques afin de maîtriser la ligne de commande sous environnement Linux. Les aptitudes ainsi développées seront directement applicables pour les logiciels de Bioinformatique.

▶ PROGRAMME

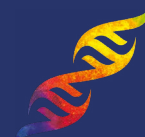
Introduction aux systèmes d'exploitation (OS, operating systems) et aux distributions UNIX. Arborescence et organisation des dossiers et fichiers. Notions de chemin relatif et absolu. Décryptage d'un terminal: la console, le shell et le prompt. Anatomie et structure d'une ligne de commande. Instructions de base: se déplacer dans l'arborescence, lister, créer, renommer, copier, et supprimer des fichiers et dossiers. S'aider de l'autocomplétion. Accéder à l'aide et aux manuels. Edition d'un fichier texte avec nano et vi. Instructions et manipulations avancées: redirections (stdin, stdout, stderr), pipes et introduction aux expressions régulières (grep, sed).

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

CONTRÔLE QUALITÉ DE DONNÉES NGS (REFERENCE: GFBQCN)

PRINSEQ



LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session inter-entreprises : 500 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 30 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Aptitudes de base avec l'outil informatique en général (traitement de texte, Internet, fichiers), des techniques NGS et utilisation de la ligne de commande sous LINUX.

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant traiter des données brutes de séquençage.

▶ 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 de manière à obtenir un jeu de données propres.

▶ PROGRAMME

Rappel du format FASTQ et contrôle de la qualité de données brutes avec le logiciel FASTQC. Description des métriques telles que l'appel de bases (basecalling), les distributions en contenu GC, les méthodes de détection de contamination biologique et technique, etc. Choix des paramètres de filtrages tels que le trimming en 5' et 3' avec le logiciel PRINSEQ (online ou à la ligne de commande). L'élimination de bases non attribuées (N's) et de la présence d'adaptateurs et d'amorces (primers) avec le logiciel CUTADAPT (ligne de commande). Obtention et interprétation des statistiques descriptives d'un jeu de données brutes et d'un jeu de données filtrées.

Possibilité de venir avec ses propres données/séquences(1).

(1) Données issues de technologies Illumina.

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

CONTACT

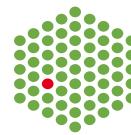
1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

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 inter-entreprises : 500 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 40 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en Biologie Moléculaire, théorie des NGS, maîtrise du contrôle qualité des données NGS et utilisation de la ligne de commande sous LINUX.

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant maîtriser les techniques d'assemblage et d'analyse de données génomiques.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat sera en mesure de réaliser un assemblage *de novo* avec des données NGS (1) issues de procaryotes, à l'aide de SPAdes, de maîtriser la méthodologie et de comprendre l'influence des différents paramètres applicables au jeu de données afin d'interpréter au mieux les résultats.

▶ PROGRAMME

Introduction aux méthodologies d'assemblage *de novo*, des différents algorithmes (greedy, overlay layout consensus, De Bruijn graphs), Concepts généraux de reads, contigs, scaffold. Assemblages *de novo* à partir de données Illumina en utilisant SPAdes, évaluation de la couverture à partir de BOWTIE2 et estimation de la profondeur avec la suite SAMtools.

Pour chaque étape, les métriques et statistiques des résultats seront abordés afin d'évaluer et de valider les résultats.

Possibilité de venir avec ses propres données/séquences (1) .

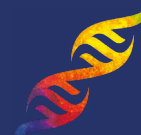
(1) Données issues de technologies Illumina.

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

CONTACT

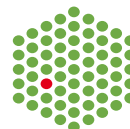
1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

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



FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

ANNOTATION DE SÉQUENCES (RÉFÉRENCE: GFBADS)



LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session inter-entreprises : 500 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 40 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Familiarité avec les technologies de séquençage haut débit (NGS), maîtrise de l'assemblage de séquences et utilisation de la ligne de commande sous LINUX.

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant découvrir et acquérir de solides bases en annotation de séquences.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat sera en mesure d'établir une stratégie d'annotation de ses séquences jusqu'à la voie métabolique, mais également d'exploiter les ressources publiques disponibles online comme EggNOG, ainsi que le logiciel PROKKA.

▶ PROGRAMME

Introduction à l'annotation de séquences, son utilité, ses stratégies et méthodologie générale. Annotation fonctionnelle de génome et transcriptomes procaryotes. Annotation structurale par recherche de motifs, patterns et classification en familles protéiques (PFAM, Protein Families). Initiation à PROKKA: logiciel d'annotation des organismes procaryotes automatisé. Présentation de la base de donnée des voies métaboliques (KEGG, Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Description des définitions standardisées avec la Gene Ontology (GO). EggNOG: bases de données des groupes orthologues et d'annotation fonctionnelle en libre accès. Présentation du format standard d'annotation GFF.

Possibilité de venir avec ses propres données/séquences (1).

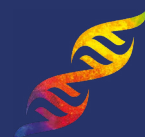
(1) Données issues de technologies Illumina.

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

MAITRISE DE BLAST (RÉFÉRENCE: GFBMBB)



LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session inter-entreprises : 500 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 40 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Aptitudes de base avec l'outil informatique en général (traitement de texte, Internet, fichiers) et utilisation de la ligne de commande sous LINUX.

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant comprendre et maîtriser BLAST online & offline, l'outil de référence pour la recherche et l'alignement pair de séquences.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de la formation, le candidat maîtrisera le logiciel BLAST via les interfaces disponibles sur Internet, ainsi que la version du logiciel BLAST localement ; permettant de profiter de la puissance de la machine utilisée, mais aussi de rechercher des informations sur des banques privées tout en gardant les séquences recherchées sous confidentialité. 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

Rappel du format FASTA. Introduction et présentation exhaustive de BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), son algorithme, les paramètres et métriques. Exercices et interprétation de résultats pour la recherche d'information nucléotidique et protéique. Explication des différentes variantes de BLAST: BLASTn, megaBLAST, BLASTp, BLASTx, tBLASTx, phi/psi-BLAST.

Possibilité de venir avec ses propres données/séquences (1).

(1) Données issues de technologies Illumina.

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

DÉTECTION DE VARIANTS PAR MAPPING (RÉFÉRENCE: GFBMUT) **SAMtools**

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

1 jour

PRIX

Session inter-entreprises : 800 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 50 % pratique

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en Biologie Moléculaire, théorie des NGS, maîtrise du contrôle qualité des données NGS et utilisation de la ligne de commande sous LINUX.

▶ MATÉRIEL

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

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs, chercheurs souhaitant analyser leurs données NGS (1) en vue de détecter les variants génomiques de type SNP, insertions et délétions.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de cette formation, le candidat maîtrisera les concepts et méthodes amenant à la détection de variants (SNP/indels) à partir d'un mapping à grande échelle.

▶ PROGRAMME

Rappels sur les variants génétiques (SNP, insertions, délétions) et à leur méthode de détection grâce aux technologies NGS (Next Generation Sequencing). Le mapping à grand échelle de reads sur une référence grâce à la transformée de Burrows-Wheeler, avec le programme BOWTIE2. Présentation de la suite logicielle SAMtools et d'un workflow typique et des paramètres associés. Explication des formats de fichiers (SAM, BAM, VCF, BCF), des flags et du code CIGAR. Mise en pratique: du mapping à la détection des variants, étapes et résultats. Visualisation de résultats grâce aux logiciels TABLET ou ARTEMIS ACT.

Possibilité de venir avec ses propres données/séquences (1).

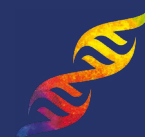
(1) Données issues de technologies Illumina.

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 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 inter-entreprises : 950 € HT/Inscrit

DATES

Session inter-entreprises : [cliquez-ici](#)

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 % théorie / 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

A 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

