GenoScreen
Innovative Genomics

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

1ère demi-journée : Théorie
- La diversité microbienne : domaine de la vie, habitats.
- Les approches d'identification : culturales 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 librairies 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 pairées, 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