

FQ Séquençage de nouvelle génération : principes, applications et méthodes d'analyses

Domaine : Sciences, Technologies, Santé

Spécialité : Biologie ; Génomique, Bioinformatique

Nombre de participants : 16 max

Objectifs

- Comprendre les principes de fonctionnement des technologies de séquençage haut débit et de la spécificité des différentes techniques à l'aide de quelques exemples d'applications
- Maîtriser les principes technologiques de séquençage de nouvelle génération
- Mettre en œuvre des technologies de séquençage adaptées à une problématique biologique et choisir en conséquence les bons outils d'analyse bioinformatiques.

Compétences visées

Cette formation de 5 jours a pour but de vous familiariser avec toutes les technologies de séquençage de l'ADN ou de l'ARN qui sont devenues aujourd'hui incontournables dans votre domaine d'activité.

A l'issue de cette session vous serez capable de concevoir une approche bioinformatique adaptée à vos problématiques scientifiques, de la préparation des échantillons biologiques aux choix de la technologie de séquençage de l'ADN ou de l'ARN. De plus, cette formation vous permettra également de vous initier à la technologie de séquençage de 3^{ème} génération « long reads » sous la forme d'un atelier pratique, ainsi qu'à l'analyse des données de séquençage de 2^{ème} et 3^{ème} via l'interface Galaxy.

A l'issue de la formation, l'apprenant est capable de :

- Concevoir un protocole expérimentale basé sur l'utilisation de ces technologies
- Réaliser les premières étapes d'analyses de données de séquençage de 2^{ème} et 3^{ème} génération
- Interagir avec des responsables de plateformes de séquençage pour la conception de projets et l'analyse de vos données

Intervenants

Véronique HOURDEL (IR, Pasteur) VH

Valérie CARO (IR, Pasteur) VC

Juliette HAMROUNE (IE, CNRS) JH

Jean-Charles CADORET (MCF, UP cité) JCC

Guillaume VELASCO (MCF,UP cité) GV

Jour 1 : Un projet de séquençage, pourquoi et comment ?

9h30-10h30 : Accueil - Présentation de la formation - Tour de table des participants - Introduction au séquençage à haut débit.

10h30-12h30 : Présentation des technologies de séquençage et évolutions

Méthodes de séquençages HTS (principes de fonctionnement et spécificités des différentes techniques) - Définitions ("read", "single read", "paired reads", profondeur et couverture) - Exemples d'applications – Long read & single cell

14h00-15h00 : Préparation du matériel biologique - Matériel de laboratoire nécessaire – Applications de séquençages (I)

15h00-15h30 : Pause

15h30-17h30 : Préparation du matériel biologique - Matériel de laboratoire nécessaire – Applications de séquençages (II)

Jour 2 : L'analyse des données de séquençages-De la théorie à la pratique

9h30-10h45 : Introduction aux principes d'analyses de données de séquençage (I)

Définitions importantes, CQ et formats de fichiers – Liens et ressources publiques accessibles - Lignes de commandes sur cluster ou plateforme Galaxy

11h-12h30 : Introduction aux principes d'analyses de données de séquençage (II)

Définitions importantes, CQ et formats de fichiers – Liens et ressources publiques accessibles - Lignes de commandes sur cluster ou plateforme Galaxy

14h-15h30 : Initiation à Galaxy I (création d'un compte, gestion et création et utilisation d'un "workflow", partage des données entre collaborateurs, visualisation des résultats, forums et groupes de discussion) - Exemple d'application sur un jeu de données ADN/ARN (I)

15h30-16h00 : Pause

16h-17h30 : Initiation à Galaxy I (création d'un compte, gestion et création et utilisation d'un "workflow", partage des données entre collaborateurs, visualisation des résultats, forums et groupes de discussion) - Exemple d'application sur un jeu de données ADN/ARN (II)

Jour 3 : Les étapes du séquençage de grands fragments par la technologie Oxford Nanopore

9h30-12h30 : Présentation du séquenceur et de son logiciel pilote MinKNOW

14h-17h30 : Présentation et analyse des données générées par MinION (long read) (I)

Jour 4 : Analyse de données de séquençage 2^{ème} et 3^{ème} génération via Galaxy

9h30-12h30 : analyse des données générées par MinION (long read) (II)

14h00-17h30 : analyse des données de séquençage Illumina d'un séquençage par synthèse (short read)

Jour 5 : Analyse de données de séquençage 2^{ème} génération via Galaxy

9h30-12h30 : analyse des données de séquençage Illumina d'un séquençage par synthèse (short read)- Transcriptome/ChIP-seq/Exome (I)

14h-17h30 : analyse des données de séquençage Illumina d'un séquençage par synthèse (short read)- Transcriptome/ChIP-seq/Exome (II)

Table ronde et retour des participants