

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

Module : Analyses ADN

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

1) Analyses ADN

2) Analyses RNA-seq

Ces modules peuvent être suivis indépendamment.

De manière générale, le cycle de formation s'adresse à des personnes qui ont des connaissances en biologie moléculaire et génomique.

Cette formation est proposée par la plate-forme de bioinformatique de Lille, Bilille : <https://bilille.univ-lille.fr/>

OBJECTIFS	<ul style="list-style-type: none">- Apprendre à manipuler des données de séquençage d'ADN- Réaliser des contrôles de qualité et du nettoyage des lectures- Présenter les méthodes et outils d'alignement- Réaliser des contrôles de qualité et des alignements sur une référence- Introduction à l'assemblage des lectures sans référence- Utiliser la plateforme Galaxy pour ces analyses
PUBLIC CONCERNÉ	Biologistes et médecins : enseignant-es-chercheur-ses, chercheur-ses, ingénieur-es, technicien-nnes, doctorant-es contractuel-les, post-doctorant-es
PRÉ-REQUIS	<ul style="list-style-type: none">- Etre familier-ère avec la plate-forme web Galaxy (idéalement avoir suivi la formation Bilille « Initiation à Galaxy »)
CONTENU	<ul style="list-style-type: none">- Introduction aux technologies de séquençage haut débit (NGS) et aux méthodes de préparation des librairies de séquençage- Présentation générale des différentes applications du séquençage haut débit (DNA-seq, RNA-seq,...)- Présentation d'un protocole classique pour des analyses de données de séquençage d'ADN- Introduction aux formats des données NGS (<i>fastq pour les séquences, sam/bam pour les alignements</i>) et aux différents scores de qualité- Rappel sur l'utilisation de la plateforme Galaxy- Contrôle qualité des lectures et nettoyage (FastQC, Trimmomatic)- Présentation des méthodes et outils d'alignement sur un génome de référence et de l'influence des différents paramètres (Bowtie2, BWA)- Visualisation des alignements (IGV)- Notions d'assemblage génomique

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

Module : Analyses ADN

MÉTHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques, essentiellement à l'aide d'outils logiciels libres accessibles sous Galaxy
DATES	9 (après-midi) et 10 Mars 2026 (1.5 jours)
INTERVENANT•ES	Hélène Touzet, DR CNRS, UMR 9189, CRISTAL Ségolène Caboche, IR Université de Lille, UAR 2014 PLBS
EFFECTIF	12 personnes maximum
LIEU	Bâtiment ESPRIT (Campus Cité Scientifique)
INSCRIPTIONS	Avant le 30 Janvier 2026

	Jennifer CHRETIEN Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cedex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : jennifer.chretien@univ-lille.fr
	Dorothée TERRYN Inserm DR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : dorothée.terryn@inserm.fr
	Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canonniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr