

## 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/>

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

## Cycle « Analyse de données de séquençage à haut-débit » Module : Analyses ADN

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

	<b>Jennifer CHRETIEN</b> Service formation des personnels Domaine universitaire du Pont de Bois - BP 60149 59653 Villeneuve d'Ascq Cédex Tel. 03.62.26.95.42. Courriel : <a href="mailto:jennifer.chretien@univ-lille.fr">jennifer.chretien@univ-lille.fr</a>
	<b>Dorothee TERRYIN</b> 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 : <a href="mailto:dorothee.terriny@inserm.fr">dorothee.terriny@inserm.fr</a>
	<b>Pierre SILVEIRA</b> CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : <a href="mailto:dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr">dr18.liste.fp@dr18.cnrs.fr</a>