



MDO3 - Analyse génomique microbienne

2 jour(s) / 14,00 heures

Programme de formation

☉ Public visé

Métiers ayant des bases en biologie : Biologistes, biostatisticiens, chargés de projets de tous secteurs.
Il est recommandé d'avoir des connaissances en bash et R.

☉ Pré-requis

Aucun

☉ Objectifs pédagogiques

- Savoir analyser un séquençage NGS microbien.
- Être autonome dans l'annotation d'un génome bactérien.
- Comprendre les différences observées entre plusieurs génomes

☉ Description / Contenu

Du fait de la diversité et de la spécificité des structures bactériennes, le traitement et l'analyse de données NGS des génomes bactériens possèdent des caractéristiques propres. Soladis vous invite à participer à cette formation « Analyse génomique microbienne » qui a pour objectif de vous former sur l'utilisation d'outils indispensables pour l'analyse, l'annotation et la comparaison de génomes bactériens. Cette formation, alliant cours théoriques et exercices pratiques, s'adresse aux personnes souhaitant approfondir leurs connaissances sur les analyses de base en génomique microbienne.

☉ Programme

1. RAPPEL DES CONCEPTS SUR LA BIOLOGIE DU NGS

- Les différents types de séquençage (1ère, 2ème et 3ème génération, paired ou single-end)
- Profondeur de séquençage vs. nombre d'échantillons pour la reproductibilité de l'analyse
- Les différentes molécules séquencées et leur intérêt

2. CHOISIR LA BONNE MÉTHODE D'ASSEMBLAGE

- Mapping vs. assemblage de novo
- Quels sont les meilleurs outils pour l'analyse de bactéries
- Détection des variations par rapport à un génome de référence

3. TRAITEMENTS DES DONNÉES DE SÉQUENÇAGE



- Contrôle qualité
- Filtre des reads

4. ANNOTATION DE GÉNOMES BACTÉRIENS ET VIRAUX

- Annotation structurale et recherche de gènes
- Analyse fonctionnelle : annotation protéique, prédiction de motifs, recherche de domaines, classifications fonctionnelles
- Recherche de résistance et de virulence
- Reconstruction métabolique
- Standards des fichiers d'annotations

5. GÉNOMIQUE COMPARATIVE

- Alignement de séquences
- Détection de polymorphismes / Analyse de variants
- Phylogénie : choix du groupe externe, recherche des séquences homologues, théorie sur l'analyse phylogénétique, analyse phylogénétique des échantillons

☺ Modalités pédagogiques

- Partage et discussion autour d'exemples d'application
- Alternance d'exposés, de discussions avec le formateur et entre participants.
- Exemples de manipulation sur des cas types
- Utilisation de méthodes et pipelines publics (bash)
- Remise des supports pédagogiques
- Vidéo projection du support PowerPoint.

☺ Modalités d'évaluation et de suivi

- Evaluation de début et fin de formation.
- Evaluation de la satisfaction en fin de formation.