



MDO2 - Comprendre la diversité taxonomique et fonctionnelle des microbiotes par approche métagénomique

3 jour(s) / 21,00 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 extraire l'information de données NGS métagénomiques
- Comprendre la diversité taxonomique et fonctionnelle de microbiotes d'intérêt
- Savoir conduire une analyse statistique afin d'estimer la richesse de la biodiversité

Description / Contenu

Les nouvelles technologies de séquençage permettent aujourd'hui d'accéder à la richesse des informations de différents microbiotes humains, animaux ou environnementaux. Soladis vous invite à participer à cette formation afin de comprendre les concepts de l'analyse métagénomique et vous permettre d'extraire les informations de cette diversité microbienne et de les analyser. Cette formation, alliant cours théoriques et exercices pratiques, s'adresse aux personnes souhaitant appréhender et comprendre les analyses NGS de type métagénomique

Programme

1. INTRODUCTION

- Rappels des concepts de séquençages NGS
- Approche ciblée vs approche globale : métagénomique ciblée, métagénomique des génomes complets, métatranscriptomique
- Présentation des limites et des avantages

2. MÉTAGÉNOMIQUE CIBLÉE

- Savoir planifier son expérience NGS / Cibler les régions d'intérêt
- Principes d'une analyse bioinformatique de données 16S et ITS
- Exemples de pipeline d'analyse et bases de données de référence



- Contrôles qualité
- Comprendre la diversité taxonomique : profils et tables d'abondance

3. MÉTAGÉNOMIQUE SHOTGUN

- Principes d'une analyse bioinformatique de données de type shotgun
- Exemples de pipeline d'analyse et bases de données de référence
- Contrôles qualité
- Classifications fonctionnelles
- Visualisations

4. ESTIMATION DE LA RICHESSE DE LA BIODIVERSITÉ

- Mesure de la biodiversité d'un ou plusieurs échantillons (Alpha diversité).
- Mesure de la diversité des espèces entre les échantillons (Beta diversité)
- Analyse des tables d'abondance : Normalisations et visualisations, analyse différentielle des taxons

☞ 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 (langages R et 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.