
Programme de Formation

Préparer des banques pour les technologies NGS Illumina et Nanopore : les étapes pratiques et méthodologiques appliquées au séquençage short et long reads



Organisation

Durée : 26 heures

Mode d'organisation : Présentiel

Contenu pédagogique



Public visé

Chercheurs, ingénieurs et techniciens intéressés par le volet pratique du séquençage NGS.



Objectifs pédagogiques

- Avoir un état de l'art des technologies de séquençage NGS
- Savoir identifier les points limitants avant le développement d'un projet de séquençage NGS
- Acquérir les compétences pratiques et théoriques pour la réalisation de ses projets NGS
- Maîtriser les différentes étapes d'un projet de séquençage NGS : de l'extraction des acides nucléiques, à la construction et la validation d'une banque NGS avant séquençage
- Maîtriser les équipements et les outils pour la quantification et la qualification des acides nucléiques, la sélection de taille, la construction des banques et le séquençage NGS



Description

Module théorique (8h)

- Les technologies de séquençage Illumina, Pacific Biosciences et Oxford Nanopore Technologies
- Les principales méthodes de construction de banques NGS
- Format des données générées et généralités sur l'analyse primaire des données
- Analyse d'un run de séquençage
- Potentiel des applications de séquençage (illustrations, exemplifications)

Module pratique (16h)

- Construction de banques à partir d'ADN et d'ARN dans le cadre de la réalisation de projets de



- séquençage (e.g. génomes bactériens, séquençage d'amplicons, RNAseq, ...)
- Illustration avec plusieurs protocoles lors des travaux pratiques : construction de banques par ligation, par PCR, par transposition, ...
 - Production préalable des échantillons (i.e. amplification PCR, extraction des acides nucléiques hmw, ...) en fonction des protocoles mis en œuvre
 - Quantification et qualification des acides nucléiques
 - Contrôle qualité de banques avant séquençage
 - Séquençage sur plateforme Illumina (Miseq, NextSeq500) et/ou plateforme Oxford Nanopore Technologies (Mk1B, Mk1c, PromethION P2 solo)
 - Récupération des données de séquençage et évaluation de la qualité du run

Module Interaction (2h)

Un créneau de 2h sera réservé à l'analyse de cas exposés par les stagiaires (questions spécifiques, projets propres de séquençage)



Prérequis

Connaissances de base en biologie moléculaire.



Modalités pédagogiques

- Alternance de cours et de travaux pratiques et dirigés
- TP en binômes avec 1 intervenant pour 2 binômes maximum



Moyens et supports pédagogiques

Petit équipement de laboratoire (pipettes, pipet-aid, centrifugeuse, ...)

Thermocycler Veriti, Qubit 4.0, Nanodrop, TapeStation 4150, séquenceurs ONT (Mk1B, Mk1c, PromethION P2 solo) et Illumina (NextSeq500, MiSeq)

Un support papier sera mis à disposition du participant.



Modalités d'évaluation et de suivi

Un suivi individualisé par des évaluations formatives est assuré. Une attestation de suivi est délivrée à la fin de la formation.



Informations sur l'admission

L'admission à cette formation ne fait l'objet d'aucun examen, test ou sélection préalable ; l'inscription est validée après réception du dossier complet et confirmation par l'organisme de formation.



Informations sur l'accessibilité

Notre laboratoire s'engage à garantir l'accessibilité de ses formations à distance et en présentiel aux personnes en situation de handicap. Un référent handicap est mobilisable afin d'analyser les besoins spécifiques et de mettre en place, lorsque cela est possible, les adaptations pédagogiques, techniques ou organisationnelles nécessaires.