
Programme de Formation

Epigénétique : concepts, techniques - Introduction



Organisation

Durée : 16 heures

Mode d'organisation : À distance

Contenu pédagogique



Public visé

Chercheurs, Enseignants-Chercheurs, IR, IE, AI, responsables et personnel de plateformes.



Objectifs pédagogiques

- Comprendre les nombreuses perspectives et les limites des études en épigénétique
- Identifier les différents porteurs de l'information épigénétique et leurs interactions
- Connaître les avantages et limites des méthodes actuelles et savoir les choisir selon les questions biologiques
- Apprendre les bases de l'analyse bio-informatique pour être capable de dialoguer avec des bio-informaticiens et effectuer des analyses simples sur l'interface Galaxy



Description

Ces dernières années, des découvertes expérimentales ont mis en évidence une forme d'hérédité indépendante de la séquence de l'ADN. Cette information non-génétique, appelée épigénétique, se manifeste par des mécanismes modifiant les fonctions des gènes sans altérer la séquence d'ADN elle-même. Une fois ces modifications acquises, elles peuvent être transmises lors des divisions cellulaires et d'une génération à l'autre chez les organismes pluricellulaires.

Les informations épigénétiques peuvent être stockées de diverses façons. Parmi celles-ci, la méthylation de l'ADN est la plus étudiée, suivie par les modifications des histones. Une méthode émergente, l'ATAC-seq, offre une image précise de l'accessibilité de la chromatine et permet d'identifier les régions génomiques présentant des structures chromatiniques polymorphes. Grâce à notre expertise en tant que plateforme d'Épigénomique Environnementale, nous proposons une formation répondant aux besoins de formation théorique de base sur les concepts et les techniques d'analyse en épigénétique.

La formation a lieu en ligne et se déroule sur 4 demi-journées.

1er jour

La formation commence par 2 demi-journées avec une introduction couvrant les définitions et les



différents concepts de l'épigénétique, la méthylation de l'ADN et les méthodes d'analyse associées, des explications des modifications des histones, la méthode de ChIP-Seq, ainsi que l'analyse de la structure de chromatine par l'ATAC-Seq. Une introduction à l'utilisation de l'interface bio-informatique Galaxy est également prévue.

2ème jour

Par la suite, le programme s'adapte aux besoins des participants sur deux autres demi-journées. Le travail s'effectue en un ou deux groupes, comprenant des questionnaires et des activités collaboratives à distance.



Prérequis

Connaissances de base en biologie moléculaire, intérêt en épigénétique.



Modalités pédagogiques

- Formation à distance
- 1 groupe : 3 x 4 heures de cours, 4 heures de TD
- 2 groupes : 3 x 4 heures de cours, 2 x 4 heures de TD
- Des debriefings à la fin de chaque demi-journée permettront au participant d'évaluer l'acquisition des connaissances



Moyens et supports pédagogiques

Des supports dématérialisés et un lien vers des ouvrages seront 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

Ordinateur avec équipement de visioconférence (camera et microphone), autorisation d'utiliser Zoom.