



Intitulé de la formation

DU séquençage à haut débit et maladies rares, Université de Bourgogne (Dijon)

Nom du responsable

Yannis Duffourd

Mail de contact

yannis.duffourd@u-bourgogne.fr

Public

	Prérequis (Exemple : Bac +3, débutant/confirmé/expert, etc.)	Principales compétences acquises
<input type="checkbox"/> Bioinformaticien		
<input checked="" type="checkbox"/> Biologiste - Chercheur <input checked="" type="checkbox"/> Biologiste médical	Débutant avec connaissance de base en génétique. Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input checked="" type="checkbox"/> Chargé de parcours génomique	Débutant avec connaissance de base en génétique. Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input checked="" type="checkbox"/> Clinicien généticien	Débutant avec connaissance de base en génétique. Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input checked="" type="checkbox"/> Clinicien non généticien	Débutant avec connaissance de base en génétique. Diplôme de génétique requis (Master ou +) Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input checked="" type="checkbox"/> Conseiller en génétique	Débutant avec connaissance de base en génétique. Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input checked="" type="checkbox"/> Technicien	Débutant avec connaissance de base en génétique. Aucune compétence info/bioinformatique requise	- Utilisation de linux, HPC, programmation en python - Bioinformatique du SHD : ES/GS en Maladies rares & Oncologie, RNASeq, ChipSeq - Interprétation des données.
<input type="checkbox"/> Autre :		



Format et contenu

Théorique	Pratique (précisez si stage, etc.)
<p>Module 1 : Introduction aux technologies de séquençage Principes & applications principales DNA-seq ciblé : principales méthodes d'enrichissement DNA-seq : Introduction aux analyses bioinformatiques Gestion et stockage des données & veille technologique Introduction à Linux : notions de bases et connexion à distance Introduction à Linux : Principales commandes à connaître</p> <p>Module 2 : Analyse de données de NGS & Linux Contrôle-qualité des données brutes et manipulation de fichiers FASTQ Alignement de séquences & manipulation de fichiers SAM/BAM Identification de variations génétiques Contrôles-qualité de fichiers BAM & VCF Détection de CNV / SV Introduction à Galaxy</p> <p>Module 3 : Interprétation Introduction à UCSC Visualiser les données : Utilisation de IGV Limites technologiques & stratégies de réanalyse & bases de données en génomique Annotation, Priorisation & filtre des variations : principe & outils Rendu des résultats au clinicien & introduction à l'ISO15189 Outils de prédiction in silico Introduction à Ensembl & BioMart</p> <p>Module 4 : OMICS & Oncologie Introduction aux techniques d'étude du transcriptome & autres OMICS Analyse de données de RNASeq Analyse de données de ChIPSeq Oncologie constitutionnelle et somatique Bioinformatique de l'oncologie somatique Interprétation de données en oncologie somatique</p> <p>Module 5 - Ouverture NGS & diagnostic – Exemples d'applications, Qualité, rendu des résultats et considérations éthiques Évaluation (QCM) Séquençage ciblé dans la DI Introduction à Python Introduction à Python Point de vue du clinicien & considérations éthiques NGS & diagnostic : Expérience d'une plateforme</p>	<p>Module 1 : Introduction aux technologies de séquençage Introduction à Linux : notions de bases et connexion à distance Introduction à Linux : Principales commandes à connaître</p> <p>Module 2 : Analyse de données de NGS & Linux Contrôle-qualité des données brutes et manipulation de fichiers FASTQ (TP) Alignement de séquences & manipulation de fichiers SAM/BAM (TP) Identification de variations génétiques (TP) Contrôles-qualité de fichiers BAM & VCF (TP) Détection de CNV / SV (TP) Introduction à Galaxy (TP)</p> <p>Module 3 : Interprétation Introduction à UCSC (TP) Visualiser les données : Utilisation de IGV (TP) Annotation, Priorisation & filtre des variations : principe & outils (TP) Outils de prédiction in silico (TP) Introduction à Ensembl & BioMart (TP)</p> <p>Module 4 : OMICS & Oncologie Analyse de données de RNASeq (TP) Analyse de données de ChIPSeq (TP) Bioinformatique de l'oncologie somatique (TP)</p> <p>Module 5 - Ouverture Introduction à Python Introduction à Python</p>

Type de formation

- Continue
 Initiale

- Licence
 Licence professionnelle

- Proposée par :**
 Université

-
- DPC
-
-
- Autre :

-
- Master
-
-
- DIU
-
-
- FST
-
-
- Certificat
-
-
- Qualification
-
-
- Autre :

-
- FSMR
-
-
- Société savante
-
-
- AURAGEN/ SeqOIA
-
-
- Autre :

Durée de la formation

105 heures de formation, réparties en 5 modules de 3 jours. Module 1 : Octobre, Module 2 : Décembre, Module 3 : Janvier, Module 4 : Mars, Module 5 : Mai

Intérêt de cette formation dans le parcours génomique (Répond à quels besoins ? Quel débouché ?)

La formation est une grande introduction au séquençage haut-débit (SHD) et à la bioinformatique reliée. Elle permet aux étudiants qui la suivent de comprendre tout le processus d'une expérience de SHD, dans un cadre de recherche et aussi dans un cadre de soin avec les contraintes qui y sont reliées (qualité, législation, etc.). La formation ne produit pas de bioinformaticiens en soit, ce qui demanderait beaucoup plus de temps, mais des biologistes / cliniciens / techniciens / ingénieurs aptes à comprendre la bioinformatique du SHD. A la fin de la formation chacun est capable, de manière autonome, de mener une analyse de SHD depuis les données brutes au rendu du compte-rendu diagnostique le cas échéant.

Les étudiants formés sont souvent les référents NGS quand ils retournent dans leurs laboratoires, permettant de diffuser les informations qu'ils ont acquises, et aussi de mettre en œuvre dans leur laboratoire un instrument de SHD du début à la fin.

Lien

<https://sefca-umdpcs.u-bourgogne.fr/nos-formations/pole-genetique/du-sequencage-haut-debit-et-maladies-genetiques.html>

Avis des anciens élèves

(Disponible sur le site - Extrait de questionnaires de satisfaction)

« J'ai appris plein de notions qui me sont et seront utiles tous les jours. Merci pour ce DU qui donne une bonne vision globale du sujet !! »

Formation de grande qualité (un peu trop "dense" pour Python).

Très bonne formation, très pratique.
Permet de savoir ce qui se passe derrière les boîtes noires que les fournisseurs nous "font payer".

MERCI !

J'utilise au quotidien les outils informatiques liés au NGS. Ce DU m'a permis de mieux comprendre leur fonction et la forme de génomique employée. De plus, j'ai surtout appris le "pourquoi" de leur utilisation. En plus, j'ai appris comment interpréter ces données et voir quelques exemples d'applications.

Petit mot du GT Formation

Très bonne formation permettant à des personnels non-bioinformaticiens, déjà en exercice, d'acquérir des compétences en bioinformatique permettant de traiter des données de séquençage haut-débit depuis la réception des données brute à l'interprétation des résultats.