

NOUVELLES GENERATIONS D'ANALYSE

Code UE : HAA820V

Crédits : 5 ECTS

Semestre : 2

Heures enseignées : Cours 6h, TD 12h, TP 32h

RESPONSABLE(S) PEDAGOGIQUE(S)

Didier Tousch, didier.tousch@umontpellier.fr

Marc Rolland, marc.rolland@umontpellier.fr

Anthony Boureux, anthony.boureux@umontpellier.fr

OBJECTIFS

- Maîtriser les techniques de bases du séquençage de nouvelle génération (DNA-Seq, RNA-Seq, Métagénomique).
- Comprendre les autres protocoles plus complexe de type XXX-Seq et leurs implications en génomiques, transcriptomiques et métagénomiques.
- Être capable d'interpréter les résultats obtenus biologiques et bioinformatiques.

DESCRIPTION DU CONTENU DE L'UE

Apprendre les technique de séquençage haut débit ou de nouvelle génération par la pratique. Une expérience de RNA-Seq sera réalisée, allant de la manipulation biologique à l'analyse bioinformatique pour déterminer le transcriptome. Les cours et les TD apporteront les éléments nécessaires à la compréhension des autres types de séquences haut-débit.

Cours:

- Le séquençage de nouvelle génération : but, pourquoi (1h)
- Les types de séquenceurs haut débit et leurs technologies (2h30)
- Les applications (2h)
- Principe général des analyses bioinformatiques.

Travaux dirigés :

- Analyses d'articles de différentes expériences de type xxx-Seq (méthodes de préparation des échantillons et résultats obtenus).
- Les formats de fichier standard et l'analyse qualité des résultats

Travaux pratiques:

- Préparation des échantillons pour le RNA-seq (~ 19h) :
 - contrôle qualité des échantillons
 - construction des banques de fragments d'ADN
 - contrôle qualité des banques obtenues
- Analyses des résultats du séquençage (~ 13h) :
 - contrôle qualité du séquençage (4h)
 - quantification par alignement des séquences sur le génome puis comptage pour chaque gènes (star/featuresCount) (4h)
 - quantification par pseudo-alignement et comptage (kallisto/sleuth) (2h)
 - Génération automatique du rapport d'analyse (R + Rmarkdown)
 - Bases outils unix (3h)

PRE-REQUIS NECESSAIRES

Biologie moléculaire, dont la PCR et séquençage de type Sanger

PRE-REQUIS RECOMMANDES

- Connaissance des bases du fonctionnement du génome et transcriptome.
- Connaissance de l'outil statistique R.