

Bio-informatique : Analyse de communautés microbiennes par métabarcoding avec le langage R

Formation réalisée sous deux versions :

- Analyse bio-informatique pour données métabarcoding short reads
- Analyse bio-informatique pour données métabarcoding long reads

OBJECTIFS

L'objectif de cette formation est de vous permettre d'acquérir une autonomie dans l'analyse de données de séquençage en métabarcoding de vos communautés microbiennes, de la préparation des données jusqu'à leur interprétation.

À la fin de la formation, les participants seront capables de :

- Préparer les séquences brutes pour analyse
- Réaliser une analyse complète de données de métabarcoding
- Interpréter les résultats statistiques
- Produire des visualisations pertinentes

PUBLIC CONCERNÉ

Cette formation s'adresse aux chercheurs, ingénieurs d'étude ou de recherche, chargés de projet, doctorants, post-doctorants, étudiants, techniciens en biologie, microbiologie, ou écologie microbienne. Cette formation est adaptée aux débutants souhaitant s'initier à la bio-informatique et est accessible à un public non spécialisé en bio-informatique.

PRÉREQUIS

Une expérience, même basique, avec le langage de programmation R et l'interface Rstudio est toutefois fortement recommandée afin de tirer le maximum de bénéfices de cette formation.

PROGRAMME

Présentation du métabarcoding :

principe, objectifs, avantages, inconvénients, limitations

Présentation et installation des outils

R, Rstudio, et packages nécessaire aux analyses

Bio-informatique

Principe de l'analyse bio-informatique des séquences

- Nettoyage et filtrage des séquences
- Correction des erreurs, inférence et clustering
- Assignment taxonomique

Biostatistiques

- Analyse de la diversité (Alpha, Beta)
- Analyse de la composition

Discussion autour des différentes technologies de séquençage

Long reads / short reads

Démonstration pratique et travaux pratiques sur données réelles

Une mise en pratique sur un jeu de données de test pour chacune des étapes sera effectuée.

Modalités pratiques

Documentation fournie

- Support de cours détaillé
- Scripts R commentés
- Jeux de données d'exemple
- Ressources bibliographiques

Matériel requis

- Ordinateur portable personnel
- R (version 4.4.2 minimum) et RStudio préinstallés
- Minimum 16Go de RAM recommandés
- Un jeu de données propre à vos thématiques de recherche (facultatif)

DUREE 3 jours

LOCALITE : Ecole de l'ADN de Nîmes, Nîmes

DATE : 14 au 16 Octobre 2026

COUT: 2200 €

NOMBRE DE PARTICIPANTS : 3 minimum à
6 pers maximum

INTERVENANT : Vincent CHOCHOIX

Retrouvez toutes ces informations sur notre site :

avantosciences.com/fr/fr/services/formation