

Déroulement de l'Atelier

Mercredi 8 Mars

12h30-13h	Accueil des participants, Café
13h-14h	Conférence « Génétique mitochondriale »
14h30-15h	Présentation de l'atelier
15h00-17h	<u>Ateliers mtDNA 1 // 2</u>
17h00-19h	<u>Ateliers mtDNA 2 // 1</u>
20h30	Dîner en ville

Jeudi 9 Mars

8h-12h00	<u>Ateliers mtDNA 3 // 4</u>
13h	Lunch
14h-18h00	<u>Ateliers mtDNA 4 // 3</u>
19h00	Conférence « Haplogroupe, migration et pathologies »
20h30	Dîner en ville

Vendredi 10 Mars

8h-10h30	<u>Ateliers mtDNA 5 // 6</u>
10h30 -13h	<u>Ateliers mtDNA 5 // 6</u>
13h	Lunch
14h-15h00	Conférence « Evolution technologique du séquençage, Big Data »
15h-16h00	Bilan/table ronde
16h00	Fin

Programme des ateliers :

Chaque participant assistera à tous les ateliers

Atelier mtDNA 1 (2h): Quantité/qualité ADNmt

- Comprendre l'hétéroplasmie et maîtriser deux approches de quantification de l'ADNmt. Extraction ADN de cellules fibroblastiques humaines et lignées tumorales.

Atelier mtDNA 2 (2h): NGS, présentation technologique, visite plateau technique; préparation de la librairie, PCR de séquence; Séquençage de produits d'amplification PCR (Amplicons-Seq)

- Acquérir les connaissances de bases sur les méthodes de séquençage à haut débit. Comprendre les caractéristiques des données obtenues.

Atelier mtDNA 3 (4h) : Extraction ADN (cytobrosse) et haplogroupage par technique RFLP : recherche d'un ou deux polymorphismes (enzymes de restriction, dépôt sur Gel)

- Acquérir une technique simple et rapide pour une première approche des polymorphismes de l'ADNmt.

Atelier mtDNA 4 (4h) : Analyse bioinformatique ADNmt total , mitomap/mitomaster

- Connaître les spécificités liées au séquençage de l'ADN mitochondrial (circularité, pseudogènes, hétéroplasmie ...)
- Outils d'annotation et de priorisation des SNPs, détection des CNVs (copy number variation)
- Création d'un pipeline simplifié de calling, annotation et priorisation dédié au NGS ADNmt.
- Re-séquençage ; Séquençage de transcriptomes (RNAseq)

Atelier mtDNA 5 (2h30) : Analyse Bioinformatique NGS, « mitome »

- Connaître les principales méthodes/outils bioinformatiques spécifiques à l'analyse des données de NGS.
- Caractéristiques des données (single pair, paired-end, mate-pair, qualité, formats, bases de données)
- Cartographie, assemblage, alignement des reads
- Principes mathématiques (indexation, quantification, recherche de pics)

Atelier mtDNA 6 (2h30) : Analyse bioinformatique ADNmt Haplogroupe

- Connaître les principales méthodes/outils bioinformatiques spécifiques à l'analyse des haplogroupes mitochondriaux.