



## BIOTECHNOLOGIES

### BIOINFORMATIQUE MOLECULAIRE ANALYSE DES SÉQUENCES NUCLÉIQUES ET PROTÉIQUES

#### OBJECTIFS

Découverte des outils et ressources bio-informatiques publiques pour mener une analyse de séquences  
Savoir utiliser les logiciels de prédiction de gènes et d'annotation de protéines

#### CONTENU PÉDAGOGIQUE

› **Rappel des bases de données nucléiques existantes.**

- Génomes annotés tels que ENSEMBL, GOLD, NCBI...
- Spécialités telles que GISAID...
- Généralistes telles que Genbank, EMBL...

› **La nature d'informations stockées sur les bases de données**

› **Les méthodes d'interrogations de ces bases (par mot-clés, par analyse de la séquence).**

› **L'influence des paramètres des outils sur la recherche** : dans une optique de rechercher la copie d'un gène dans un génome, aligner des ensembles de gènes au format FASTA, analyse multigénomés...

› **Les bases de données protéiques existantes: UniprotKB, NCBI**

› **L'analyse des séquences nucléiques (et protéiques).**

› **Revue des différents outils permettant l'analyse de séquences avec un focus particulier sur:**

- l'alignement de séquences et la recherche de séquences homologues.
- le design de primers: les outils existants, les paramètres à prendre en compte lors d'une recherche...

› **Etudes de cas et application ces outils à partir de cas précis:**

- recherche de gènes communs entre plusieurs souches ou encore spécifiques à une seule
- impact de mutations sur la séquence nucléique, sur la séquence protéique
- recherche à partir d'une séquence des gènes mono-copies, 2 copies, multicopies



#### DURÉE

3 jours  
21 heures



#### SESSIONS

- 13 - 15 septembre 202



#### LIEU

Lyon



#### FRAIS D'INSCRIPTION (DÉJEUNER INCLUS)

1985 € HT



#### PUBLIC CONCERNÉ

Techniciens, Techniciens Supérieurs, Ingénieurs, Chercheurs impliqués en biologie et santé

## Coordonnées

CPE Lyon Formation Continue

Campus Saint-Paul – Bâtiment F • 10, Place des Archives – 69002 LYON

04.72.32.50.60