



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 multigénomiques...

› 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

- 9 - 11 décembre 2024
en présentiel à
Lyon



FRAIS D'INSCRIPTION (DÉJEUNER INCLUS)

2 015 € HT



PRÉREQUIS & 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