



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 prédition 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 multigénomes...**› 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**

- 7 - 9 décembre 2026
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

41 rue Garibaldi – 69006 LYON

04.72.32.50.60