

# Analyses de séquences, utilisation des outils bio-informatiques

## OBJECTIFS

- Comprendre l'outil informatique dans le domaine de la biologie moléculaire, spécifiquement pour l'utilisation des bases de données et l'identification de caractéristiques biologiques simples
- Acquérir les compétences nécessaires à l'analyse bioinformatique de séquences
- Identifier les principales bases de données et outils d'interrogation en ligne
- Se familiariser avec les principaux outils d'analyses et d'alignements de séquences
- Comparaisons de séquences, phylogénie

## PUBLIC CONCERNÉ

Personnels scientifiques initiés ou non à la biologie moléculaire.

**Pré-requis : bases de biologie moléculaire**

## PROGRAMME

### ENSEIGNEMENTS

#### Les bases de la bio-informatique

Interrogation de banques de données ; moteurs de recherche

### TRAVAUX DIRIGÉS

#### Stratégies pour l'analyse des séquences

- Nettoyage et interrogation de bases de données à partir de séquence SANGER
- Manipulation de données de séquençage NGS à partir de la plateforme GALAXY

### PARTIE PRATIQUE – TP

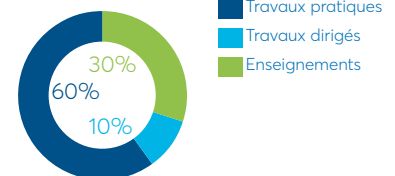
#### Stratégies et méthodologie

- Choix des outils informatiques
- Comparaison et alignement de séquences (alignements multiples)
- Assemblage, identification de structures génétiques
- Génétique : recherche de motifs et de parties codantes

**Application pour les séquences nucléiques :** identification de primers pour la PCR

**Traitements plus complexes** établissant des relations entre les séquences (recherche de motifs et d'homologies, phylogénie...)

## RÉPARTITION DE LA FORMATION



Evaluation des acquis : QCM, TD et TP.

**DURÉE :** 2 jours

**LOCALITÉ :** École de l'ADN, Nîmes

**DATE :** Les 18 et 19 Avril 2024

**LOCALITÉ :** VWR International, Rosny-sous-Bois

**DATE :** Les 13 et 14 Novembre 2024

**COÛT :** 1300 € NET - 8 stagiaires maximum

**RÉFÉRENCE :** BB016

**INTERVENANT :** Pr Christian SIATKA,  
Ecole de l'ADN de Nîmes