

# 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, annotation des génomes, phylogénie.

## Public concerné

Personnels scientifiques initiés ou non à la biologie moléculaire.

## Programme

- Les bases de la bioinformatique
  - Banques de données ; moteurs de recherche
  - Interrogation de banques
  - Gestion de données, rapatriement et croisement d'informations
  - Choix des outils informatiques
- Stratégies et méthodologie
  - Comparaison et alignement de séquences (alignements multiples)
  - Assemblage, identification de structures génétiques
  - Génétique : recherche de motifs et de parties codantes
  - Stratégies sur la recherche sur l'identification de séquences :
    - Une 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...)



**Durée : 2 jours**

- **École de l'ADN, Nîmes**  
Les 5 et 6 avril 2017  
**1150 €**

- **VWR International,**  
Fontenay-sous-Bois  
Les 12 et 13 Septembre 2017  
**1150 €**

**Référence : BB016**

**Intervenant : Christian SIATKA, École de l'ADN de Nîmes**