

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

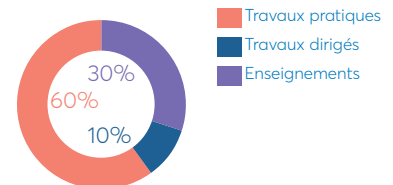
Stratégies et méthodologie

- 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 6 et 7 Avril 2026

VWR International, Rosny-sous-Bois
Les 12 et 13 Novembre 2026

COÛT : 1350 € NET - 8 stagiaires maximum

RÉFÉRENCE : BB016

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