

L'ENSEIGNEMENT SCIENTIFIQUE

Aujourd'hui, la parfaite maîtrise des outils scientifiques est devenue indispensable pour l'ensemble des personnels techniques, scientifiques et administratifs des entreprises et des laboratoires des différents secteurs relevant de la biologie.



Les différents domaines de la bio-informatique			Code BIO
Lieu	Date	Durée	Prix
Lille (59)	25 au 29 octobre 2010	5 jours 35 heures	1 300 €HT
Responsables de la formation Christine HUBANS Bérénice WULBRECHT Contact Marie-José TRUONG 03 20 43 86 72 / fax 03 20 87 73 11 formation.scientifique@pasteur-lille.fr		Outils bio-informatiques INTER Formation adaptée <ul style="list-style-type: none"> ■ à l'industrie ■ aux établissements de santé ■ aux laboratoires ■ au secteur recherche 	
Pré-requis			
Pratique des moyens informatiques courants (tableur Excel, internet...).			
Public			
Chercheur. Ingénieur. Vétérinaire. Pharmacien. Médecin. Clinicien. Personnel enseignant du domaine privé ou public. Technicien du domaine public ou privé. Toute personne ayant à caractériser ou à analyser des séquences nucléotidiques et à définir les amorces nucléotidiques.			
Objectif			
Cette formation a pour but de familiariser les participants ou de les rendre autonomes dans la manipulation des principaux outils proposés : consultation des banques de données et recherche d'information, traitements simples et plus complexes des séquences nucléotidiques (comparaisons de séquences, alignements multiples, annotations et prédictions sur analyses de séquences longues...), utilisation des logiciels disponibles sur le web pour la définition des amorces nucléotidiques.			
Contenu			
Chaque module mêlera exposés théoriques et applications pratiques.			
Module 1 : banques de données et recherche d'information			
Recherche d'information dans les banques de données BLAST, NCBI, GENBANK,...			
Evaluer la qualité des informations en fonction de la banque d'origine.			
Créer sa bibliothèque de banques selon ses études personnalisées.			
Croiser les informations et interroger plusieurs types de banque en même temps.			
Rapatriner des banques de données sur son ordinateur ou son serveur afin de créer ou d'associer de nouveaux outils.			
Module 2 : Comparaisons de séquences et alignements			
Choisir les outils associés (alignement global ou local, Clustal, Dialign...).			
Comparer deux séquences entre elles ou aligner un grand nombre de séquences issues d'une banque personnelle (alignement multiple).			
Trouver des similarités entre une séquence et une banque afin de caractériser la séquence inconnue (matrices de similarité).			
Récupérer les logiciels sur son ordinateur et travailler avec une banque personnelle formatée.			
Analyser les résultats et éventuellement ne récupérer que les éléments d'intérêts.			
Savoir choisir les bonnes options selon les recherches à effectuer.			
Module 3 : Annotations et prédictions sur les analyses de séquences longues			
Identification des structures génétiques à partir d'une séquence longue issue d'un séquençage puis d'un assemblage : recherche de parties codantes et recherche de motifs (promoteurs, introns...).			
Choix des méthodes de caractérisation des séquences et analyse des résultats.			
Module 4 : Design d'amorces nucléotidiques			
Présentation des outils disponibles sur le web (Primers3, OligoArray...).			
Choix et définition des amorces nucléotidiques pour la réaction en chaîne du polymérase (PCR) ou pour le séquençage DNA ou par la détection du gène étudié (sonde nucléotidique).			
Vérification de la spécificité des amorces définies, de la Tm et des repliements structuraux possibles.			
LE PLUS			
Possibilité de venir avec ses propres séquences.			
Intervenants			
C.Hubans (Genoscreen). B.Wulbrecht (CropDesign).			
Méthodes pédagogiques			
Théorie : 30%			
Pratique : 70%			
Vidéo projection des exposés. Support pédagogique. Utilisation des acquis théoriques et mise en application sur ordinateur en réseau avec accès internet. Application sur des logiciels freeware en ligne.			