



Outils scientifiques

Contact : Marie-José TRUONG
Tél. 0320438672 Fax 0320877311 formation.scientifique@pasteur-lille.fr

Les différents domaines de la bio-informatique

Public

Chercheur, ingénieur, médecin, personnel enseignant, technicien des laboratoires publics et privés ayant à caractériser ou à analyser des séquences nucléotidiques et à définir les amorces nucléotidiques.

Pré-requis

Pratique des outils informatiques courants (tableur Excel, internet...).

Objectifs

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 : Banque de données et recherche d'information

Recherche d'information dans les banque 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. Rapatrier 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 structurales possibles.

LE PLUS

Possibilité de venir avec ses propres séquences.

Intervenant

C. HUBANS (Genoscreen). B. WULBRECHT (CropDesign).

Méthodes pédagogiques

Théorie : 30 %. Pratique : 70 %.

Vidéoprojection 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.

Date :
26 au 30 mars 2012
22 au 26 octobre 2012

Lieu : Lille (59)
Durée : 5 jours (35h)
Prix : 1 400 € HT
INTER

Code : BIO

