

Analyse bioinformatique des séquences moléculaires : Optimisation et stratégies

<p>Objectifs</p>	<p>À l'issue de cette formation, les participants seront capables :</p> <ul style="list-style-type: none"> • de s'appuyer sur des connaissances théoriques et pratiques leur permettant d'intégrer les outils de la bioinformatique à leur arsenal méthodologique et à leur mode de raisonnement • d'identifier les sujets de recherche pouvant bénéficier d'une telle approche • de maîtriser les outils d'analyses et de comparaison de séquences moléculaires, d'en connaître les avantages et les limites • de comprendre l'implication du paramétrage sur les résultats obtenus • de développer des stratégies d'analyses
<p>Public Pré-requis</p>	<p>Chercheurs, ingénieurs</p> <p>Connaissances en biologie moléculaire. Aisance dans l'utilisation de l'ordinateur et d'Internet</p>
<p>Programme</p>	<p>Rappels de biologie dans le cadre d'une approche bioinformatique</p> <p>Introduction à la bioinformatique (principes, avantages et limites de ces outils)</p> <ul style="list-style-type: none"> ▪ Le paramétrage, les matrices, les modèles utilisés ▪ Recherche d'informations dans les banques de séquences ▪ Les outils d'analyses de séquences nucléiques et protéiques ▪ Alignement local et global. Alignement de séquences 2 à 2, comparaison de séquences (BLAST, FASTA, BLAST 2 séquences, PSI et PHI BLAST) ▪ Alignement multiples (Clustal, Dialign, CAP....) ▪ Les bases de connaissances (Ensembl, Entrez-Gene)
<p>Dates et lieu</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Du 15 au 19 février 2010 • Bâtiment Claude Bernard, Hôpital du Kremlin Bicêtre (94) • Inscriptions avant le 15 janvier 2010
<p>Contacts</p>	<p>Pôle Formation Continue de l'ADR Paris XI Bénédicte Hémar - Responsable Formation DR Paris XI Bâtiment Claude Bernard - 84, rue du Général Leclerc 94276 Le Kremlin-Bicêtre Cedex</p> <p>Tél. : 01 49 59 56 90 Fax : 01 49 59 19 61 Mél. : benedicte.hemar@inserm.fr</p>