

Cycle « Initiation à la bioinformatique » Module 2/4 : Alignement de séquences

Le cycle de formation « Initiation à la bioinformatique » est constitué de 4 modules de 2 jours chacun. Ils peuvent être suivis indépendamment mais ont une cohérence et suivre chaque module peut aider à une meilleure compréhension des modules suivants. Ces modules sont :






- 1) Banques de données et Blast (septembre 2016)
- 2) Alignements de séquences (novembre 2016)**
- 3) Prédiction de gènes et annotation de protéines (février 2017)
- 4) Initiation à la reconstruction phylogénétique en biologie moléculaire (mai 2017)

Un autre cycle intitulé « Analyse NGS (Next Generation Sequencing) » est en cours de préparation pour l'année 2017. Les inscriptions pour ce deuxième cycle ouvriront au cours du dernier trimestre 2016.

OBJECTIFS	<ul style="list-style-type: none"> - Découvrir les différents types d'alignement pour les séquences protéiques et nucléiques - Savoir choisir le logiciel et les paramètres adaptés à une problématique (alignement local, global, multiple...) - Comprendre les méthodes algorithmiques pour l'alignement de séquences - Comprendre les paramètres des logiciels - Être capable d'analyser un résultat d'alignement avec un regard critique
PUBLIC CONCERNE	Biologistes : enseignants-chercheurs, chercheurs, ingénieurs, techniciens, doctorants contractuels, post-doctorants
PRE-REQUIS	<p>Savoir utiliser un ordinateur (Windows...) : naviguer sur internet (Internet Explorer ou Firefox), utiliser un traitement de texte (Word ou OpenOffice).</p> <p>Être familier avec les banques de données, Blast et formats de séquences (idéalement avoir suivi le module 1/4 « Banques de données et Blast » du cycle d'initiation à la bioinformatique).</p>
CONTENU	<ul style="list-style-type: none"> - Définitions : alignement local, alignement global, système de scores, matrices de similarité (PAM, BLOSUM)... - Introduction des méthodes algorithmiques (Smith-Waterman, programmation dynamique,...) - Alignement de séquences deux à deux : dotplot, scores et qualité - Détection de répétitions et alignements splicés - Alignement multiple de séquences (CLUSTAL, DIALIGN, MAFFT, MACSE...): application à la recherche de motifs - Recherche d'homologies dans les banques (exemple : BLAST)
METHODE	Alternance entre parties théoriques et parties pratiques essentiellement à l'aide d'outils libres accessibles en ligne

Cycle « Initiation à la bioinformatique » Module 2/4 : Alignement de séquences

DATES	24 et 25 Novembre 2016
INTERVENANT	Ségolène Caboche, IR Université Lille 2, Equipe Transcriptomics and Applied Genomics En collaboration avec <i>bilille</i> , la plateforme bioinformatique de Lille
EFFECTIF	Un groupe de 12 personnes
LIEU	Siège de l'Université Lille2 Lille (Salle informatique)
INSCRIPTIONS	Avant le 20 juin 2016

 	<p>Anne-Sophie LECLERCQ Université des Sciences et Technologies de Lille, Cité Scientifique-Bâtiment A3, Service du Personnel-Formation Continue, 59655 VILLENEUVE D'ASCQ Cedex Tél.: 03 20 33 70 71. Fax : 03 20 33 59 72. Courriel : Anne-Sophie.Grare@univ-lille1.fr</p>
	<p>Dorothee TERRYN Inserm ADR Lille, 6 rue du Pr. Laguesse, CS 50027, 59045 LILLE Cedex Tél.: 03 20 29 86 78. Fax : 03 20 49 01 38. Courriel : dorothee.terryn@inserm.fr</p>
	<p>Pierre SILVEIRA CNRS - Délégation Nord - Pas de Calais et Picardie, 2 rue des Canoniers, 59046 LILLE Cedex Tél.: 03 20 12 36 88. Fax : 03 20 12 36 90. Courriel : pierre.silveira@dr18.cnrs.fr</p>
	<p>Nadia BENYAHIA Université Lille 2 - Université du Droit et de la Santé, 42 rue Paul Duez, 59800 LILLE Tél.: 03 20 96 43 37. Fax : 03 20 88 24 32. Courriel : nadia.benyahia@univ-lille2.fr</p>