

**L'ENSA d'Alger et l'IRD de Montpellier
Organisent à l'ENSA, du 01 au 03 octobre 2017
Un cours d'introduction à la Bioinformatique**

***Thème de la formation
Comment lire et analyser des séquences nucléotidiques et protéiques***

par

Hassen GHERBI, Chercheur à l'Institut de Recherche pour le Développement (IRD),
UMR LSTM, Montpellier, France.

Formation sous forme de cours-TD étalés sur 2,5 jours

I. Cours introductif sur la bioinformatique

- a. Définitions
- b. Objectifs
- c. Applications

II. Lire des séquences nucléiques et protéiques

- a. Organisation, définition, utilisation du format « FASTA »
- b. Introduction aux banques de données

III. Les bases de données

- a. Comprendre une séquence stockée dans une base de données
- b. Rechercher une séquence stockée dans une base de données
- c. Récupérer une séquence stockée dans une base de données

IV. Analyser des séquences nucléiques ou protéiques

- a. Outils de comparaison des séquences
- b. Le programme BLAST : présentation et fonctionnement
- c. Interrogation des banques de données
- d. Interpréter les résultats d'un BLAST

V. Les alignements de séquences

- a. Alignements simples
- b. Alignements multiples
- c. Quelques programmes d'alignement de séquences

VI. Introduction à la phylogénie moléculaire

- a. Réaliser des arbres phylogénétiques et des cladogrammes
- b. Interpréter les arbres phylogénétiques

VII. Comment lire et analyser un produit de séquençage

- a. Contrôle de la qualité de la séquence
- b. Lire et corriger un chromatogramme

VIII. Comment déterminer des amorces pour la PCR