

Cycle "Bioinformatique par la pratique" 2015

➤ Module 2 : Comparaison de séquences protéiques, recherche d'homologues dans les banques. Application à l'analyse fonctionnelle : attribution d'une fonction aux produits des gènes.

Public concerné

Personnel scientifique et technique

Pré requis

Avoir suivi le module Linux ou connaître les commandes Linux

Modalités pédagogiques

Théorie : 50% - Pratique : 50%

10 stagiaires par session

Chaque stagiaire disposera d'un poste informatique dédié.

Dates & horaires

19 et 20 mars 2015 9H30 -17H00

Durée

2 jours

Intervenant

Jean-François Gibrat

Tarif

225 euros HT

Modalités de paiement

Bon de commande (+TVA 20 % pour non INRA, sans TVA pour INRA).

Conditions d'annulation

En l'absence d'annulation par mail avant le **5 mars 2015**, le paiement sera dû.

Objectifs

Connaître les principes des méthodes d'alignements de séquences et leurs limitations. Application à la recherche d'homologues dans les banques de données (analyse fonctionnelle).

Programme

- Les méthodes de recherche d'homologie basées sur des comparaisons de séquences :
 - Les différents types d'alignements
 - Le principe de l'alignement de séquences
 - L'utilisation d'heuristiques : FASTA, BLAST
 - L'utilisation de familles de protéines :
 - o PSI-BLAST
 - o RPS-BLAST
 - o HMMER (PFAM)
- Les alignements multiples (Clustalw...)

L'accent sera mis sur les points forts et les limites des différentes techniques.

Contacts & Informations

veronique.martin@jouy.inra.fr

Tél : 013465 2974

sophie.schbath@jouy.inra.fr

Tél : 013465 2890

Demande d'inscriptions en ligne

<http://migale.jouy.inra.fr/?q=formations>