

## 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 :
    - PSI-BLAST
    - RPS-BLAST
    - 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>