



FORMATION EN BIOINFORMATIQUE

ANNOTATION DE SÉQUENCES ET RECHERCHES PAR BLAST (RÉFÉRENCE : GFBMBB)

LIEU

GENOSCREEN (Lille – 59)

DURÉE

½ journée

PRIX

Session fixe : 500 € HT/Inscrit

DATES

Sessions : du 21 au 23 mai puis en octobre 2025

MODALITÉS

- Formations alternant des exposés théoriques et des travaux pratiques. Des exemples concrets sont présentés.
- Evaluation individuelle de l'acquisition des connaissances.
- Remise des supports de formation.

SESSION PERSONNALISÉE

Nous proposons aussi des formations intra-entreprise dont le contenu et la durée peuvent être adaptés à vos objectifs.

Nous consulter pour plus d'informations : [cliquez-ici](#)

▶ TYPE

70 % théorique et 30 % pratique.

▶ PRÉREQUIS

Connaissances de base en biologie moléculaire, théorie des technologies NGS.

▶ MATÉRIEL

Prévoir un ordinateur sous Linux, Mac OS ou Windows capable de se connecter à internet.

▶ PARTICIPANTS

Docteurs, ingénieurs ou toute autre personne souhaitant acquérir les bases de l'annotation de séquences.

▶ OBJECTIFS

À l'issue de cette formation, le candidat disposera des clés théoriques et pratiques pour réaliser une annotation de séquences pour des génomes procaryotes et eucaryotes. Les différentes stratégies d'annotation structurelle et fonctionnelle seront abordées et des exemples pratiques viendront compléter cette formation pour identifier les gènes présents dans un génome et décrire leur(s) fonction(s). Durant cette formation, une importance particulière sera apportée à l'utilisation optimisée de BLAST (« Basic Local Alignment Search Tool ») pour l'interrogation de bases de données permettant de comparer/annoter/identifier des séquences nucléiques ou protéiques. La compréhension et l'aptitude à établir les paramètres optimaux seront couplées à la connaissance des métriques afin d'interpréter au mieux les résultats.

▶ PROGRAMME

- Introduction à l'annotation de séquences, rappels sur la structure des gènes.
- Description des différentes méthodes d'annotation structurelles et fonctionnelles pour les génomes procaryotes et eucaryotes.
- Explication des différentes variantes de BLAST : BLASTn, megaBLAST, BLASTp, BLASTx, tBLASTx, etc.
- Utilisation de BLAST sur des bases de données publiques ou privées.

GENOSCREEN est un organisme de formation enregistré au n°31 59 06657 59 (DRTEFP Lille, France)

CONTACT

1 rue du Professeur Calmette
59000 Lille - FRANCE

commercial.dept@genoscreen.com
+33(0) 362 263 776

