

**TD de Bioinformatique**  
**Introduction à la Bioinformatique**  
**Comment lire et analyser des séquences nucléotidiques et protéiques**

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

Programme du TD de Bioinformatique destiné aux enseignants de la Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie de l'Université Constantine 1 :

**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**