

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