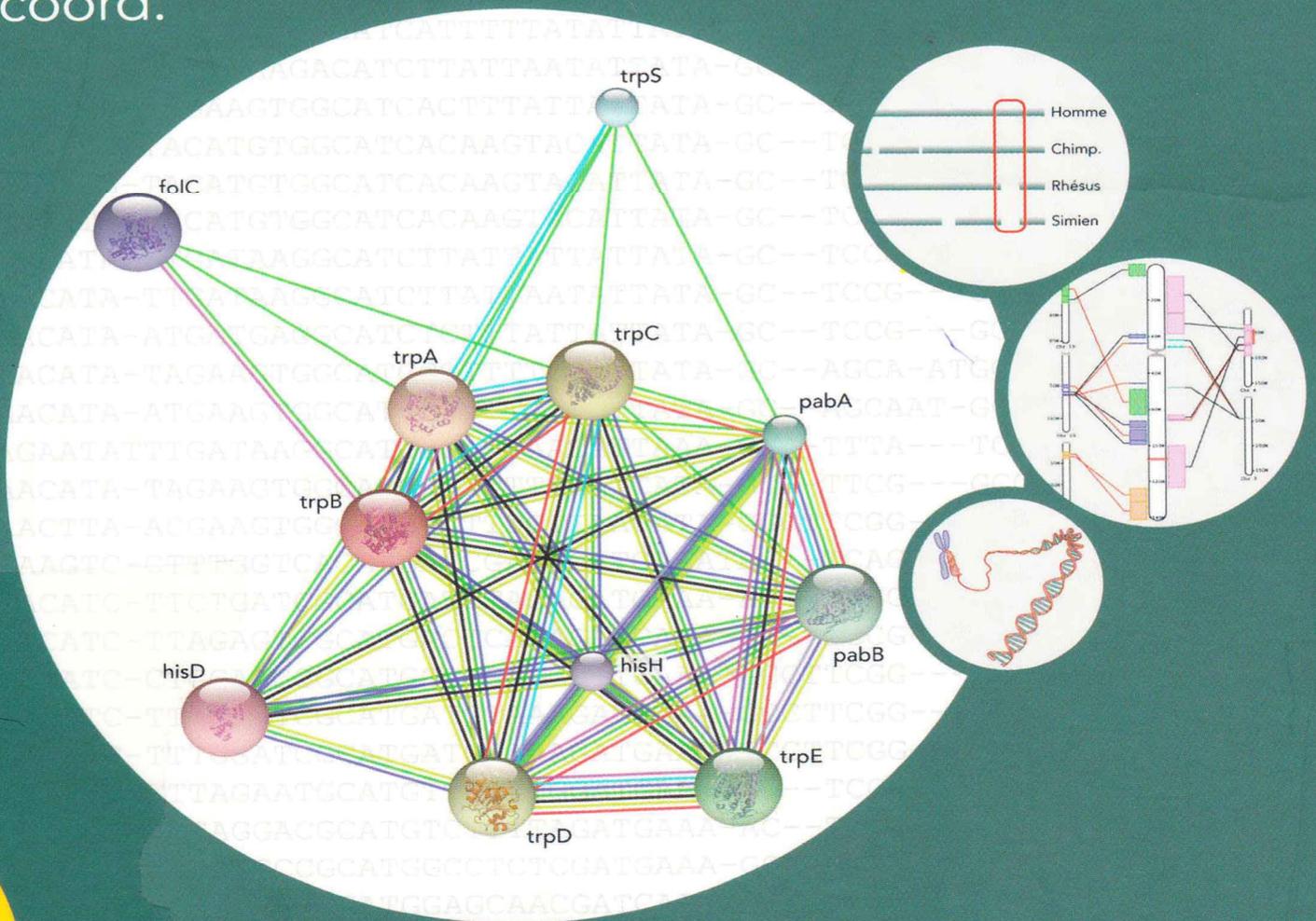


Bio-informatique

Principes d'utilisation des outils

Denis Tagu, Jean-Loup Risler,
coord.



Sommaire

Avant-propos	III
--------------------	-----

Généralités

Fiche 1. Bio-informatique et bio-analyse: définitions	3
Fiche 2. Quelques généralités sur les gènes et les génomes	5

Banques et bases de données en biologie

Fiche 3. Introduction	11
Fiche 4. Banques généralistes	13
Fiche 5. Bases de données spécialisées de génomes complets	16
Fiche 6. Bases de données dédiées aux expériences à grande échelle	20
Fiche 7. Bases de données dédiées à des familles de séquences	25
Fiche 8. Généralités sur les outils de recherche, d'analyse et de visualisation	27
Fiche 9. Outils d'interrogation de données: <i>databank browsers</i>	29
Fiche 10. Outils de navigation génomique: <i>genome browsers</i>	35
Pour en savoir plus... ..	43

Alignement des séquences

Fiche 11. Principes	49
Fiche 12. Alignements graphiques et programmation dynamique	57
Fiche 13. BLAST	66
Fiche 14. Statistiques de BLAST et E-value	70
Fiche 15. Pièges de BLAST	72
Fiche 16. Filtrage des séquences et recherche de motifs avec BLAST	75
Fiche 17. Différentes variantes de BLAST	78
Fiche 18. FASTA	80
Fiche 19. Introduction à l'alignement multiple	82
Fiche 20. Principales méthodes d'alignement multiple	85

Fiche 21. Alignement multiple: ClustalW	88
Fiche 22. Alignement multiple: ClustalW en ligne de commande	93
Fiche 23. Alignement multiple: DIALIGN	94
Fiche 24. Alignement multiple: T-Coffee	99
Fiche 25. Alignement multiple: MUSCLE	104
Fiche 26. Alignement multiple: MAFFT	106
Fiche 27. Choix d'un logiciel d'alignement multiple	113
Pour en savoir plus...	115

Domaines protéiques

Fiche 28. Domaines, modules ou motifs protéiques et leurs bases de données	119
Pour en savoir plus...	127

Reconstruction phylogénétique

Fiche 29. Introduction	131
Fiche 30. Méthodes basées sur les matrices de distances	135
Fiche 31. Méthodes basées sur le principe de parcimonie	140
Fiche 32. Méthodes basées sur le maximum de vraisemblance	143
Fiche 33. Estimation de la robustesse	145
Fiche 34. Choix d'une méthode	148
Pour en savoir plus...	150

Annotation des génomes

Fiche 35. Introduction	155
Fiche 36. Prédiction des séquences codantes et chaînes de Markov	158
Fiche 37. Annotation structurale, ou syntaxique	166
Fiche 38. Introduction à l'annotation fonctionnelle	174
Fiche 39. Limites de l'annotation des génomes	176
Fiche 40. Introduction à l'annotation fonctionnelle <i>in silico</i>	179
Fiche 41. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> par recherche d'homologies	182
Fiche 42. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : alignement de paires de séquences	186
Fiche 43. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : alignement multiple de séquences	188

Fiche 44. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : méthodes de reconnaissance par repliements	193
Fiche 45. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : conservation de la fonction et similarité de séquences	197
Fiche 46. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : propriétés intrinsèques des séquences	199
Fiche 47. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : exploitation du contexte des gènes	202
Fiche 48. Conclusions sur l'annotation fonctionnelle <i>in silico</i>	207
Pour en savoir plus...	209

Comparaison des génomes

Fiche 49. Introduction	215
Fiche 50. Événements de spéciation et de duplication	217
Fiche 51. Orthologie et paralogie	221
Fiche 52. Processus de comparaison des génomes	224
Fiche 53. Classification des espèces tenant compte de leur contenu génétique	227
Pour en savoir plus...	230

Analyse du transcriptome

Fiche 54. Définition des séquences sonde pour la PCR et pour les puces à ADN	235
Fiche 55. Introduction à l'analyse statistique des expériences sur le transcriptome	244
Fiche 56. Méthodes de l'analyse statistique des expériences sur le transcriptome	246
Fiche 57. Analyse statistique des expériences sur le transcriptome: signification statistique	255
Fiche 58. Analyse statistique des expériences sur le transcriptome: représentations graphiques	259
Pour en savoir plus...	266
Coordonnées des auteurs	269