

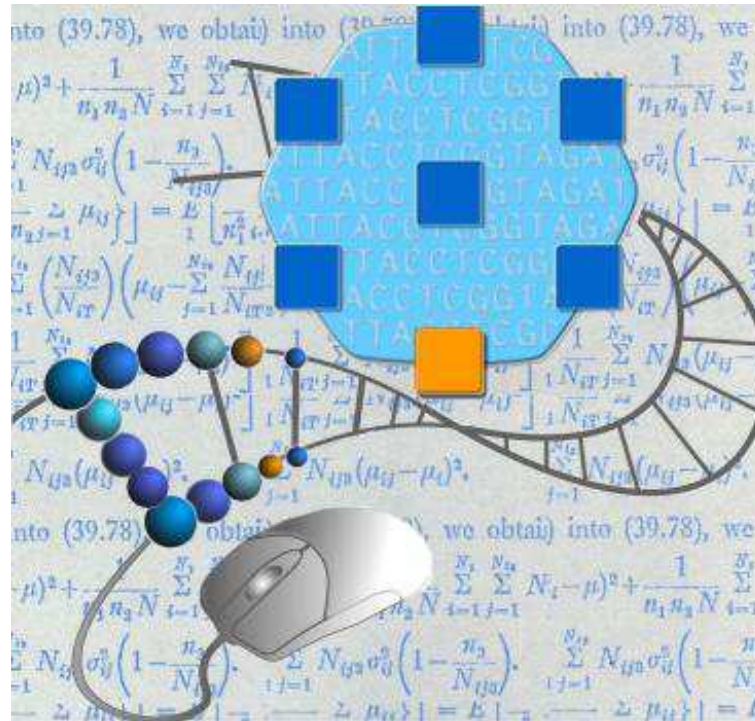
Domaine SNV : Biologie, Agronomie, Science Alimentaire, Ecologie

[web.facebook.com/DomaineSNV](http://web.facebook.com/DomaineSNV)

# SAHLA MAHLA

الجامعة الجزائرية

## Bioinformatique



SAHLA MAHLA

المصدر الأول للطالب الجزائري  
Bioinformatique

Licence « Toxicologie »

M<sup>lle</sup> DAHMANI C.A



# Cours 1

[web.facebook.com/ DomaineSNV](http://web.facebook.com/DomaineSNV)

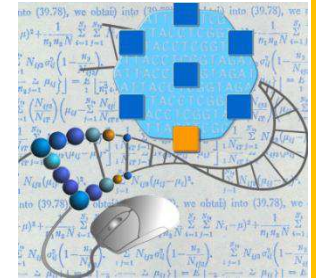
Domaine SNV : Biologie, Agronomie, Science Alimentaire, Ecologie

SAHLA MAHLA

المصدر الاول للطالب الجزائري



# Introduction générale sur la bioinformatique



# Introduction

SAHLA MAHLA

La bioinformatique : Traitement des informations biologiques par des méthodes informatiques et/ou mathématiques.

**Discipline fondée sur des acquis de :**

La biologie,  
des mathématiques et  
de l'informatique.



# Introduction

SAHLA MAHLA  
المصدر الأول للطالب الجزائري

La bioinformatique constitue une branche nouvelle de la biologie:

- Approche *in silico*, complète les approches classiques de la biologie:
  - in situ* (dans le milieu naturel),
  - in vivo* (dans l'organisme vivant) *et*
  - in vitro* (en éprouvette).

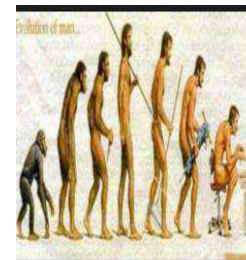


# Introduction

## □ Plusieurs domaines d'applications:

المصدر الاول للطالب الجزائري

- La génétique des populations
- L'environnement (toxicologie...)
- La biologie moléculaire
- La biologie évolutive

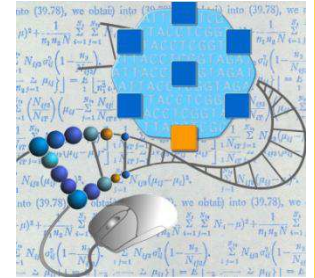


SAHLA MAHLA

المصدر الأول للطلاب الجزائري



# Historique rapide de la Bioinformatique



# Historique rapide de la bioinformatique

SAHLA MAHLA



- **Années 70 :** Premières comparaisons de séquences.
- **Années 80 :** Premières méthodes de prédiction.  
Premières méthodes d'alignement.  
Banques de données.  
Méthodes de recherche dans les banques de données (Fasta et Blast).
- **Années 90 :** Perfectionnement des méthodes.  
Approches intégrées.
- **Aujourd'hui :** Génomique (structurale: séquençage)



# Comment séquence-t-on un génome ?



Lab technician working with sequencing machines  
Courtesy of Celera Genomics

Une réponse rapide : en morceaux !

المصدر الاول للطالب الجزائري



Room filled with sequencing machines  
Courtesy of Celera Genomics

# Le Projet Génome Humain

SAHLA MAHLA

المصدر الأول للطلاب الجزائري



- Entrepris en 1990
- Mission :
- Séquençage complet de l'ADN du génome humain.
- Achèvement annoncé en avril 2003.



# Le Projet Génome Humain: Objectifs

SAHLA MATTELA

المصدر الاول للطلاب الجزائري



- Séquencer l'ensemble du génome humain (3 milliards de pb)
- Identifier tous les gènes dans cette grande quantité de données → (compte préliminaire =  $\approx 25000$  gènes)



# Le Projet Génome Humain: Résultats

SAHLA MAHLA



- Chromosomes 22 et 21 → avant 2000
- Chromosome 20 → 2001
- Chromosome 14 → 2003 (Publié)
  
- Source de l'ADN séquencé →  
provient de plusieurs donneurs anonymes, recrutés aux  
Etats-Unis.



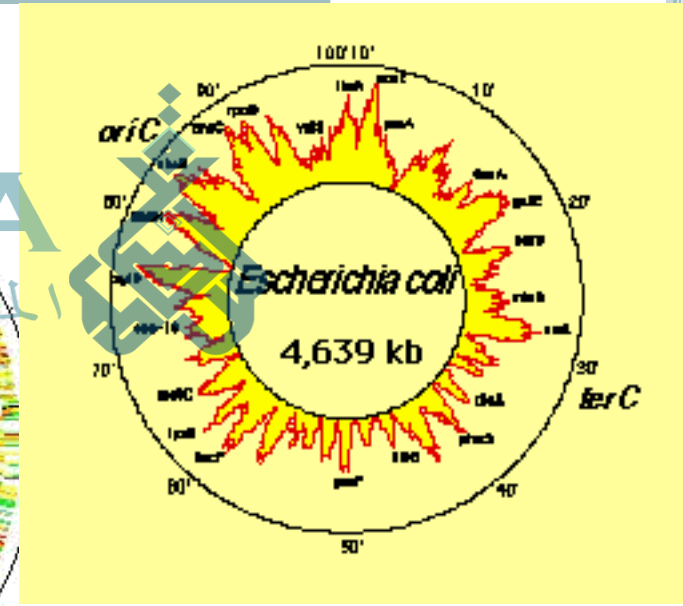
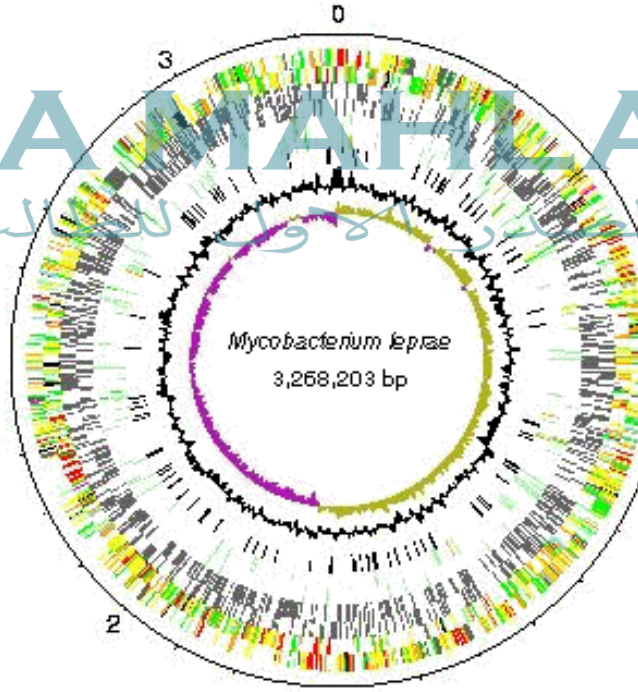
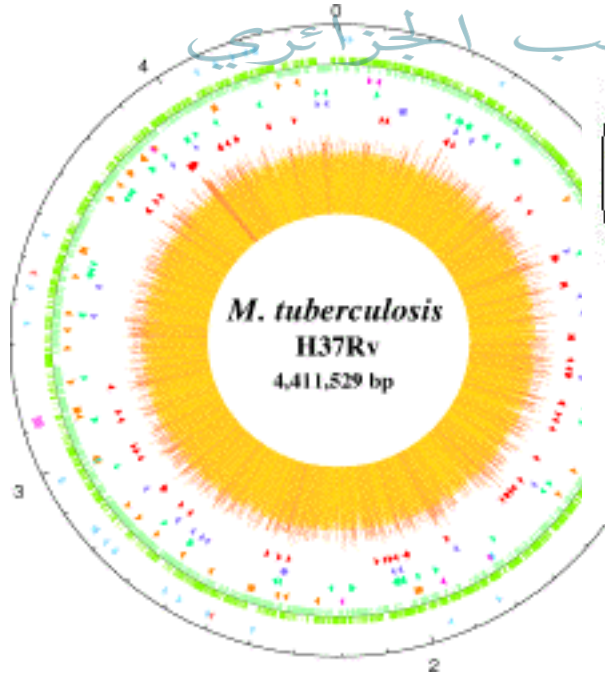
# Fragment d'une séquence d'ADN linéaire

المصدر الأول للطلاب الجزائري



**AGTCCGCGAATACAGGCTCGGT**

SAHLA YAHYA



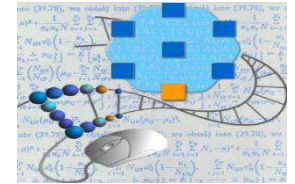
Représentation de génomes bactériens séquencés

SAHLA MAHLA

المصدر الأول للطالب الجزائري



# Applications de la bioinformatique à la toxicologie

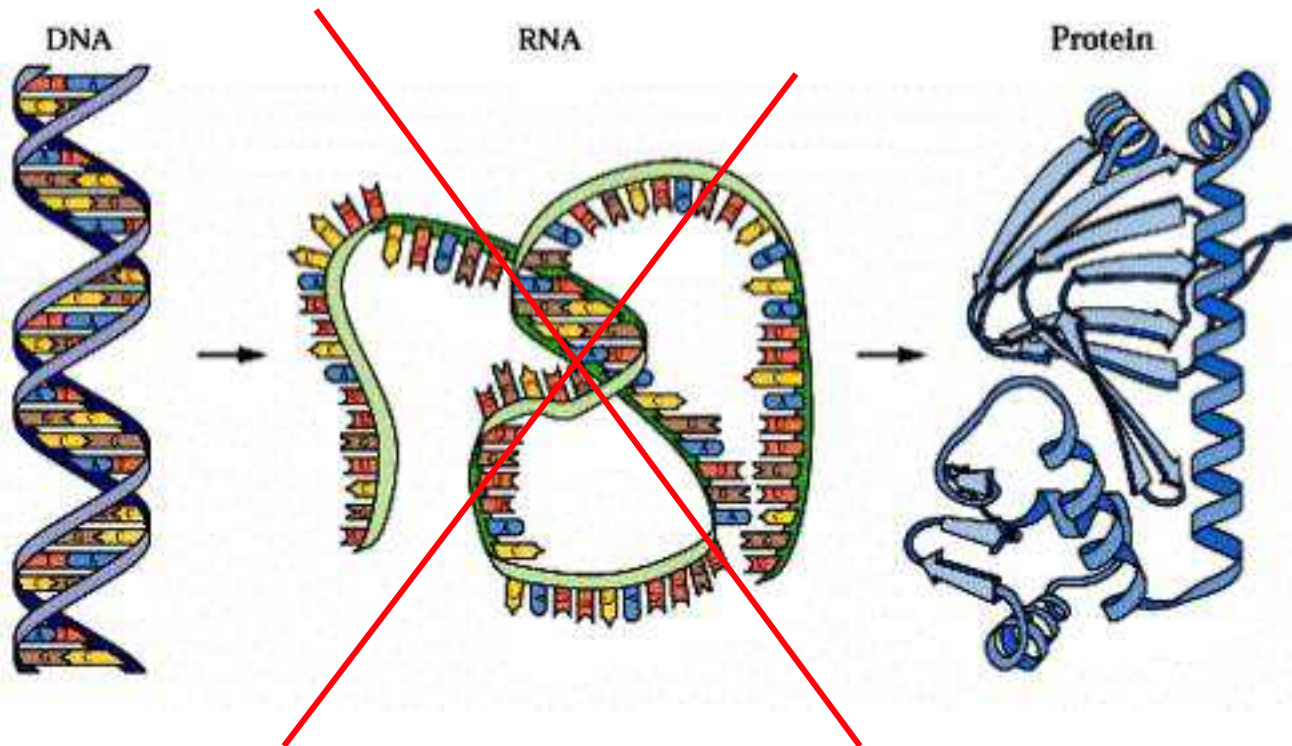


# La démarche de la bioinformatique

ADN  $\xrightarrow{\text{Dédution}}$  Protéine

AGT CCG CGA ATAC AGG C TC GG T

SPRIQAR





# Aujourd'hui...

Le nouvel  
**SALILA MAHLA**  
المصدر الأول للطالب الجزائري  
LES RÉVÉLATIONS D'UNE ÉTUDE DE SCIENTIFIQUES FRANÇAIS  
**OUI, LES OGM SONT  
DES POISONS !**



**Aujourd'hui...**

**SAHLA MAHLA**

المصدر الاول للطالب الجزائري



# LES MÉTHODES *IN SILICO*

- Ces méthodes utilisent la modélisation mathématique de données toxicologiques obtenues *in vitro* et *in vivo*.
- Elles peuvent être purement statistiques et/ou utiliser les connaissances d'experts toxicologues qui associent les fonctions et les motifs structuraux des molécules chimiques à des réponses toxiques spécifiques.
- Par exemple, les QSAR (*Quantitative Structure Activity Relationships*) visent à modéliser la structure chimique d'un xénobiotique et son activité toxicologique.



# LES MÉTHODES *IN SILICO*

- Ces approches pourraient réduire jusqu'à 70 % le recours aux tests *in vitro* sur l'animal. المصدر الاول
- Les modèles PBPK (*Physiologically-based Pharmacokinetic*) sont des modèles toxico-cinétiques fondés sur les connaissances fondamentales de la physiologie humaine ou animale.
- L'association entre les approches QSAR et PBPK devrait permettre de prédire une toxicité systémique sans avoir recours à l'expérimentation animale.



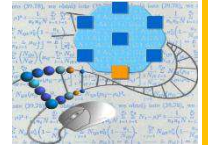
# LES MÉTHODES *IN SILICO*

SAHLA MAHLA

- L'introduction de ces méthodes dans la démarche toxicologique moderne, limitera une expérimentation animale lourde, coûteuse, et qui n'est pas forcément représentative des situations humaines.
- L'intérêt de cette approche serait également d'y introduire des facteurs de susceptibilité individuelle pour des situations spécifiques (asthmatiques, cardiaques, obèses, femmes enceintes, enfants, personnes âgées...).



# **La bioinformatique, la toxicologie et la g n tique**



- 
- **Dans de nombreux domaines de la biologie (en pharmacologie, en nutrition et en toxicologie):**

- Programmes scientifiques sont en cours de développement afin de rechercher si les variations génétiques sont l'explication de l'hétérogénéité de réponse à:
  - un traitement médical,
  - à un régime alimentaire ou
  - à l'exposition à un toxique environnemental...

- Il est vraisemblable que les données concernant la susceptibilité individuelle ne se limiteront pas longtemps à un ou quelques gènes, il sera nécessaire de prendre en compte un nombre important de gènes.
- Ceci demande la constitution d'équipe pluridisciplinaire en toxicologie regroupant:

- Les toxicologues





- Il est vraisemblable que les données concernant la susceptibilité individuelle ne se limiteront pas longtemps à un ou quelques gènes et il sera nécessaire de prendre en compte un nombre important de gènes.
- Ceci demande la constitution d'équipe pluridisciplinaire en toxicologie regroupant:

- Les généticiens



- Il est vraisemblable que les données concernant la susceptibilité individuelle ne se limiteront pas longtemps à un ou quelques gènes et il sera nécessaire de prendre en compte un nombre important de gènes.
- Ceci demande la constitution d'équipe pluridisciplinaire en toxicologie regroupant:

- Les bio-informaticiens





**Merci**