## Sommaire

Avant-propos []	ÍΙ
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	1
Fiche 4. Banques généralistes 1	3
Fiche 5. Bases de données spécialisées de génomes complets 1	6
Fiche 6. Bases de données dédiées aux expériences à grande échelle 2	0
Fiche 7. Bases de données dédiées à des familles de séquences	5
Fiche 8. Généralités sur les outils de recherche,	
d'analyse et de visualisation	7
Fiche 9. Outils d'interrogation de données: databank browsers 2	9
Fiche 10. Outils de navigation génomique: genome browsers 3	5
Pour en savoir plus	3
Alignement des séquences	
Fiche 11. Principes4	9
Fiche 12. Alignements graphiques et programmation dynamique 5	7
Fiche 13. BLAST6	6
Fiche 14. Statistiques de BLAST et E-value	
Fiche 15. Pièges de BLAST	
Fiche 16. Filtrage des séquences et recherche de motifs avec BLAST 7	5
Fiche 17. Différentes variantes de BLAST 7	
Fiche 18. FASTA 8	
Fiche 19. Introduction à l'alignement multiple	

Fiche 20. Principales méthodes d'alignement multiple 11. 85

Fiche 21. Alignement multiple: Clustal w	38
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	)4
Fiche 26. Alignement multiple: MAFFT	)6
Fiche 27. Choix d'un logiciel d'alignement multiple 13	13
Pour en savoir plus 1	15
Domaines protéiques	
Fiche 28. Domaines, modules ou motifs protéiques	
et leurs bases de données	19
Pour en savoir plus 12	27
Reconstruction phylogénétique	
Fiche 29. Introduction	31
Fiche 30. Méthodes basées sur les matrices de distances	35
Fiche 31. Méthodes basées sur le principe de parcimonie	40
Fiche 32. Méthodes basées sur le maximum de vraisemblance 14	43
Fiche 33. Estimation de la robustesse	45
Fiche 34. Choix d'une méthode 14	48
Pour en savoir plus 15	50
Annotation des génomes	
Fiche 35. Introduction	55
Fiche 36. Prédiction des séquences codantes et chaînes de Markov 15	58
Fiche 37. Annotation structurale, ou syntaxique 10	56
Fiche 38. Introduction à l'annotation fonctionnelle	74
Fiche 39. Limites de l'annotation des génomes	76
Fiche 40. Introduction à l'annotation fonctionnelle in silico	
Fiche 41. Annotation fonctionnelle in silico	
par recherche d'homologies	32
Fiche 42. Annotation fonctionnelle in silico:	
alignement de paires de séquences	36
Fiche 43. Annotation fonctionnelle in silico:	
alignement multiplet de séquenceségé par copyright	38

Fiche 44. Annotation fonctionnelle <i>in silico</i> : méthodes de reconnaissance par repliements	193
Fiche 45. Annotation fonctionnelle in silico:	
conservation de la fonction et similarité de séquences	197
Fiche 46. Annotation fonctionnelle in silico:	100
propriétés intrinsèques des séquences	199
Fiche 47. Annotation fonctionnelle in silico:	202
exploitation du contexte des gènes	
Fiche 48. Conclusions sur l'annotation fonctionnelle in silico	
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

Contenu protégé par copyright