**Introduction**

Le terme de « bioinformatique » date du début des années 80. Cependant, le concept sous-jacent de traitement de l'information biologique est bien plus vieux. Durant les années 60, la biologie moléculaire a eu besoin de modélisation formelle, ce qui a mené à la création des « biomathématiques ».

**1-Définition**

On trouve un grand nombre de définitions selon l'acception du terme et selon la prépondérance de "bio" sur "informatique" ou l'inverse.

➢ La bio information est l'information liée aux molécules biologiques : leur séquence, leur nombre, leur(s) structure(s), leur(s) fonction(s), leurs liens de "parenté", leurs interactions et leur intégration dans la cellule ...

➢ Cette bio information est issue de diverses disciplines : la biochimie, la génétique, la génomique structurale, la génomique fonctionnelle, la transcriptomique, la protéomique, la biologie structurale (structure spatiale des molécules biologiques, modélisation moléculaire ... ), ...

➢ Une définition de la bioinformatique : analyse de la bioinformation par des moyens informatiques

La bioinformatique est la science de l’utilisation de l’ordinateur dans l’acquisition, le traitement et l’analyse de l’information biologique. Le terme, très vague au départ, tend maintenant à se limiter à la biologie moléculaire. Les données traitées par la bioinformatique sont toutes celles qui intéressent le biologiste : séquences d’ADN ou de protéine mais aussi références bibliographiques, images, résultats expérimentaux bruts, logiciels, etc.

L’exploitation de toutes ces données biologiques, l’accès de manière rapide et fiable aux

données disponibles dans les banques internationales et l’analyse des données expérimentales produites à grande échelle nécessitent des outils informatiques puissants et en perpétuel développement. Assembler les séquences brutes, trouver les unités fonctionnelles des séquences génomiques, comparer les séquences entre elles, prédire les structures et les fonctions des macromolécules, comprendre les interactions entre les gènes et leurs produits en termes de réseaux métaboliques mais aussi l’évolution des espèces : toutes ces questions nécessitent l’utilisation de la bioinformatique et son développement.

Tout comme les cartographes dressaient des cartes du monde antique, les biologistes ont

péniblement dressé la cartographie de l’ADN humain durant les trois dernières décennies

du XXe siècle. Le but est de déterminer la position des gènes sur les différents

chromosomes, afin de comprendre la géographie du génome.

**2- Domaine et utilisation:**

Elle s’intéresse aux données du :

- génome (totalité du matériel génétique de la cellule),

- transcriptome (ARNm transcrits),

- protéome (l’ensemble des protéines bio synthétisées),

- métabolome (molécules organiques telles que lipides, glucides, faisant partie des activités métaboliques de la cellule vivante).

**3- Objectifs:**

La bioinformatique propose des méthodes et des logiciels qui permettent:

- Le recueil, le stockage et la gestion des données biologiques et leur distribution à travers les réseaux.

- Le développement des outils pour analyser les problèmes de biologie moléculaire.

- L’analyse, la comparaison et la prédiction de la structure des gènes.

- La modélisation et la prédiction de la structure et de la fonction des protéines.

- Les études phylogénétiques et l’évolution moléculaire des êtres vivants.

Donc l’intérêt de l’étude de la bioinformatique a pour but de : L’identification, la taxonomie, l’évolution