LA BIOINFORMATIQUE: DE POST GENOMIQUE AU SCIENCES OMIQUES (AN OVER VIEW)

CHEBA Ben Amar
benach57@yahoo.com

Résumé :

L'augmentation spectaculaire du nombre de génomes entièrement séquencés, y compris le projet du génome humain (HGP) couplé avec l'avènement des technologies de séquençage à haut débit, ont conduit à une croissance explosive et diversifiée dans les données biologiques qui présentent le urgent besoin de techniques de calcul intensif potentiel pour leur stockage, l'organisation, l'analyse et l'intégration. La bioinformatique est venu jouer ce rôle majeur et la poursuite des futures découvertes biologiques.

Par les récentes avancées biotechnologiques accompagnés de la diversité de données énorme (comme des séquences d'ADN et de protéines, gènes et des cartes chromosomiques et des structures de protéines) et le développement dans les technologies de génomique, bioinformatique continue d'être un concept nouveau, générant différentes mais liées domaines de recherche tels comme la protéomique, la métagénomique et la pharmacogénomique (l'application d'approches génomiques et des technologies à l'identification des cibles de médicaments), il est largement admis que la bio-informatique a ouvert la voie à l'ère post-génomique et deviendra une partie essentielle et indispensable dans le future des sciences de vie et la médecine moléculaire. Cette analyse met en lumière les applications récentes des technologies de séquençage de prochaine génération et les tendances les plus prometteuses en bioinformatique, en commençant par l'arpentage des principales sciences omiques (par exemple, la génomique, transcriptomique, protéomique, la métabolomique, la métagénomique, glycomique, lipidomique,physiolomique, et la pharmacogénomique….).

Mots clés: la bioinformatique, génome, génomique,le séquençage, biologie computationnelles, sciences omiques