Les outils de Bioinfo

Pathvisio : permet de visualiser des voies métaboliques, des les importer et les stocker. Permet également d’y importer nos données de micro-array de tel manière à ce qu’il nous indique les endroits de la voie métabolique concerné par un changement d’expression dans nos gènes

rsat : 3 fonctions principales :

 **Pattern matching:** you know the regulatory motif (e.g. the consensus for a transcriptional factor), and you are interested by one or several particular sequences (e.g. promoters of a gene of interest, or binding fragments obtained from ChIP-on-chip experiments): you look for the matching positions within the sequences.

 **Genome-scale pattern matching:** you know the regulatory motif, and you would like to scan the genome to detect genes having this motif in their regulatory regions, which may be considered as potential target genes for the transcription factor of interest.

 **Motif discovery** (or **pattern discovery**). You know the sequences, you ignore the regulatory motif : you dispose of a set of functionally related regulatory sequences (e.g. promoters of co-expressed genes, or peaks collected from ChIP-seq experiments), and you suspect that they are enriched in binding site for one or seveal transcription factors. You thus want to detect a motif "*ab initio*" from the sequences.

BLAST: trouver des séquences similaires à notre séquence dans une base de données

PDB : Récupérer la structure tertiaire d’une protéine obtenue expérimentalement

Pymol : visualiser une structure tertiaire (pdb), aligner 2 structures, sélectionner seulement une partie de structure

Gor4, chou-fasman : outil statistique de prédiction de structures secondaires

SOPMA : outil stat « nearest neigbour » de prédiction de structures secondaires

HNN, PHD : outil réseaux neuronaux de prédiction de structures secondaires

Concord : outil consensus de prédiction de structures secondaires

Stride : structure sec assignée a structure tertiaire

SparksX et genthreader: outil fold recognition de prédiction de strucutres tertiaire

HHPRED (+modeller) et 3D jigsaw: outil comparative modelling de prédiction de strucutres tertiaire

PDBefold : analyse de superposition de structures

Outils d’alignement de séquences : <http://mobyle.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py#welcome>

Needleman&Wunsh : alignement global pairés

Water : alignement local pairé

ClustalW ou omega : alignement multiple

Uniprot : information concernant les protéines. Récupérer la séquence protéique, articles liés

EBI : info concernant une protéine. Récupérer séquence protéique, séquence nucléotidique

Genecard :info sur tous les gènes humains

ENSEMBL : genome databases pour les vertébrés et autres espèce eukaryotes

GEO : gene expression omnibus. Database de micro array from NCBI

Array express : Database de micro array from EBI

Prosite : reconnaissance des domaines et motifs

Voie métaboliques Base de données

Kegg

Reactome

Wikipathway

Outils de partage :

GIT

Package Bioconductor: outil dans R pour l’analyse de microarrays