

DEFINITIONS

ALIGNEMENT :

Comparaison de séquences d'ADN ou de protéines pour identifier des régions similaires. Sert à détecter les mutations, les gènes conservés ou à construire des arbres phylogénétiques.

ANNOTATION :

Processus bioinformatique qui consiste à identifier et à décrire les éléments fonctionnels d'une séquence d'ADN (gènes, ARN, promoteurs, etc.) en s'appuyant sur des bases de données et des algorithmes.

ASSEMBLAGE :

Étape consistant à reconstituer un génome complet ou partiel à partir de fragments de séquences (reads) obtenus par séquençage. Cela peut se faire de manière **de novo** ou par alignement sur une **séquence de référence**.

BASE DE DONNÉES BIOINFORMATIQUE :

Ensemble structuré d'informations biologiques (séquences, annotations, profils de résistance, etc.) utilisé pour l'analyse, la comparaison ou l'identification d'organismes.

CONTIG :

Segment d'ADN obtenu après assemblage de plusieurs reads qui se chevauchent. C'est une portion continue du génome reconstruit.

EPIDEMIE :

Augmentation soudaine et rapide du nombre de cas d'une maladie infectieuse dans une population donnée, sur une période limitée et dans une zone géographique précise.

GENE :

Unité de base de l'information héréditaire, codant une protéine ou un ARN fonctionnel. Les gènes sont identifiés lors de l'annotation.

GÈNE DE RÉSISTANCE :

Gène codant pour une protéine permettant à la bactérie de survivre en présence d'un antibiotique ou d'un autre agent antimicrobien.

GÈNE DE VIRULENCE :

Gène responsable de la capacité d'une bactérie à provoquer une maladie ou une infection.

GENOME :

Ensemble complet du matériel génétique d'un organisme. Chez une bactérie, il inclut le chromosome et, éventuellement, des éléments extrachromosomiques comme les plasmides.

GENOMIQUE COMPARÉE :

Étude des similitudes et différences entre les génomes de plusieurs souches ou espèces, pour identifier des gènes communs, spécifiques ou responsables de certaines fonctions (résistance, virulence...).

GROUPE D'INCOMPATIBILITÉ (Incompatibility Group, Inc group) :

Catégorie utilisée pour classer les **plasmides** selon leur système de réplication et de maintien. Deux plasmides appartenant au **même groupe d'incompatibilité** ne peuvent pas être stables ensemble dans une même cellule bactérienne, car ils utilisent des mécanismes similaires pour se répliquer, ce qui entraîne la perte de l'un d'eux. Cette classification est utile pour étudier la cohabitation de plasmides et la diffusion des gènes de résistance.

IDENTIFICATION TAXONOMIQUE :

Processus d'attribution d'un organisme à un groupe taxonomique (genre, espèce, souche) à partir de données génomiques ou phénotypiques.

KMER :

Sous-séquence d'une longueur définie k extraite d'une séquence d'ADN. Les k-mers sont utilisés en bioinformatique pour la comparaison de séquences, l'assemblage ou le typage génomique.

PLASMIDE :

Petite molécule d'ADN circulaire présente dans certaines bactéries, distincte du chromosome, souvent porteuse de gènes de résistance ou de virulence.

READS (LECTURES) :

Fragments courts d'ADN générés par les machines de séquençage. Ces reads doivent être assemblés pour reconstruire un génome complet.

RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES :

Capacité d'une bactérie à survivre à un traitement antibiotique. Elle est souvent due à des gènes spécifiques, parfois portés sur des plasmides.

SEQUENCE DE REFERENCE :

Séquence d'ADN représentative d'un organisme (ou d'un gène) utilisée comme modèle pour comparer, aligner ou assembler d'autres séquences. Elle sert de "standard" pour les analyses génomiques.

SÉROTYPE :

Forme spécifique d'une bactérie (ou d'un virus) définie par la composition de ses **antigènes de surface**, notamment les antigènes O (lipopolysaccharides), H (flagellaires), et parfois K (capsulaires). Chaque sérotype représente une **variante antigénique** distincte au sein d'une espèce. Par exemple, *Salmonella enterica* sérotype Typhimurium désigne une souche portant un profil antigénique précis.

SEROTYPAGE :

Méthode de classification des micro-organismes (notamment les bactéries) basée sur leurs antigènes de surface (ex. : antigènes O et H chez *Salmonella*). Il permet d'identifier des souches spécifiques.

SOUCHE MULTIRÉSISTANTE :

Souche bactérienne capable de résister à plusieurs classes d'antibiotiques, souvent à cause de la présence de plusieurs gènes de résistance sur le chromosome ou des plasmides. Ces souches sont un enjeu majeur en santé publique car elles compliquent le traitement des infections.

TRANSCRIPTOME :

Ensemble des ARN produits par un organisme ou une cellule à un moment donné.

TYPAGE :

Méthode d'identification et de différenciation des souches microbiennes au sein d'une même espèce, en se basant sur des caractéristiques génétiques, biochimiques ou antigéniques.

VIRULENCE :

Capacité d'une bactérie à causer une maladie, liée à la présence de facteurs de virulence (toxines, adhésines, enzymes, etc.).