

## **Le microbiome humain - séance 3**

### **Introduction à la bioinformatique et analyse des séquences par BLAST**

#### **La microbiologie par extraction, amplification et séquençage**

Le gène de l'ARN ribosomal 16S (ARNr 16S) est un segment de l'ADN codant pour de l'ARN qui constituera du ribosome. Il est souvent utilisé pour identifier les bactéries associées à des organismes eucaryotes, car il ne se retrouve que chez ces premières, évitant l'amplification de gènes de l'hôte. Ce gène est également suffisamment conservé pour pouvoir retracer l'histoire évolutive des séquences bactériennes entre elles.

Lors de ce volet du laboratoire sur le microbiome humain, les étudiants seront initiés à différentes possibilités offertes par la bioinformatique pour l'analyse de séquences d'ADN. À partir des séquences obtenues par l'analyse en laboratoire des séances précédentes, les étudiants devront analyser l'identité taxonomique des colonies prélevées à l'aide de l'analyse BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

#### **Objectifs d'apprentissage**

À la fin de cette séance, l'étudiant sera capable de:

- Expliquer la pertinence de la bioinformatique dans l'étude du microbiome humain et plus largement de l'ADN environnemental
- Utiliser des outils informatiques en ligne (BLAST) pour analyser l'identité taxonomique de séquences d'ADN.

#### **Matériel et méthodes**

Outre les observations visuelles des bactéries, une connaissance beaucoup plus profonde de la structure et de l'origine évolutive des microbes peut être atteinte par l'étude de leur ADN. Des outils d'analyse puissants développés par la bioinformatique permettent notamment de comparer entre elles de grands volumes de séquences d'ADN et d'établir le degré de leur similarité, permettant à son tour leur regroupement par taxon en Unité Taxonomique Opérationnelle (UTO) ou Variant de Séquence d'Amplicon (ASV) puit leur identification. Par vertu de l'homologie, ou de la ressemblance d'origine ancestrale entre l'ADN de deux espèces, des outils bioinformatiques permettent également de reconstituer l'histoire évolutive d'un groupe d'organismes représentés par leurs séquences. De tels outils nécessitent la mise en place de grandes banques de données en lignes où tous peuvent déposer leurs séquences identifiées. Et ainsi grandit une science collectivement.

Vous aurez ici l'occasion de procéder à des analyses bioinformatiques sur les séquences que vous aurez amassées dans le contexte de votre expérience sur le microbiome humain. Vous utiliserez pour ce faire l'outil d'analyse BLAST et la banque de données du National Center for Biotechnology Information (NCBI). L'analyse BLASTn vous permet de comparer vos séquences avec celles de la banque de données de gènes d'ARNr 16S du NCBI dont l'identité taxonomique est généralement connue. Le pourcentage de similarité entre votre séquence et celles de la base de données vous permet alors de poser une hypothèse sur l'identité de votre séquence.

**Les instructions pour ce laboratoire se trouvent à l'adresse suivante :**

[https://github.com/ShyGuy509/bio1410\\_2025](https://github.com/ShyGuy509/bio1410_2025)