**Introduction**

Ce sont les mutations qui, au cours de l’évolution naturelle, causent des erreurs au moment de la réplication de l’ADN ; car l’évolution ce fait par mutations successives ces erreurs peuvent être :

* Des substitutions (changement ponctuel d’un nucléotide par un autre) on parle de transition ou de transversion ,
* Des insertions (ajout d’un ou plusieurs nucléotides).
* Ou alors des délétions (délétion d’une base ou d’un segment d’ADN).

Ces mutations n’affectent pas de la même manière les différentes espèces par rapport au site de mutation et par rapport au temps pendant lequel va se manifester cette mutation

Il en découle alors des différences, plus au moins importantes, dans les structures (primaires, secondaire) de ces séquences, d’où la divergence et la biodiversité des espèces. De ce fait, deux notions évolutionnistes l’homologie et la similarité par exemple, la protéine de l’insuline de l’homme , de la souris exercent la même fonction biologique mais ont des structures primaires qui ne sont pas totalement identiques

En bioinformatique la comparaison des séquences (ADN, ARN et protéines, ARN…) repose essentiellement sur la notion de l’alignement, et permet de déterminer le degré de ressemblance entre celles-ci : similitudes ou identité en révélant des régions proches dans leurs séquences primaires. Cela peut indiquer que :

* La structure (primaire, secondaire ou tertiaire) des deux séquences est semblable,
* La fonction biologique est proche ou différente (dans le cas de la dissimilarité), l’origine des séquences alignées est commune ou éloignée (notion d’homologie).

Cependant, la comparaison pour l’obtention d’un alignement optimale entre deux séquences biologiques, nécessite néanmoins la mise en œuvre de procédures de calcul

(algorithmes) et de modèles biologiques permettant de quantifier la notion de ressemblance entre ces séquences .

1. **Définition de la bioinformatique**

La bioinformatique est une approche de la biologie complémentaire aux approches classique de la biologie , permet de formaliser des problèmes de biologie moléculaires, proposer et développer des modèles , méthodes et outils dont l’objectif est d’analyser les séquences biologiques et de prédire la structure et la fonction des macromolécules