

## Proposition de stage en Bioinformatique

**Durée:** 6 mois février - juillet

**Lieu:** Centre national des Sciences et Technologies Nucléaires (CNSTN) – Sidi Thabet

**Spécialité:** Informatique appliqué à l'information biologique

**Niveau:** maîtrise, DESS, DEA ?

### Compétences:

Environnement : UBUNTU

Programmation: C++, Csh, shell (pour le traitement des séquences), Java, perl, PHP (web)

Base de données: langage SQL, MySQL/PostgreSQL

### Encadrement:

Ahmed Zaki JENHANI : Ingénieur en informatique localisé à l'Institut Pasteur et travaille sur une plateforme Ubuntu. M. Zaki participera avec son expérience en informatique appliqué à la biologie.

Karim Mezhoud: Docteur-ingénieur en Biologie localisé au CNSTN et travaille sur le protéome et l'interactome des bactéries radio-résistantes. Il participera au stage par son expérience sur ces bactéries et sur les informations biologiques que nous allons traiter.

### Sujet:

L'unité de microbiologie et de biologie moléculaire au CNSTN développe plusieurs sujets de recherche. L'un de ces projets consiste à étudier la radio-résistance de la bactérie *Deinococcus radiodurans* par plusieurs approches. L'une de ces approches focalise sur l'étude de son génome, son protéome, son interactome et de son métabolome d'une manière *In silico*.

Pour se faire, nous disposant d'un serveur [Fujitsu Primepower 250](#) que nous voulons utiliser comme une base de données de toute information biologique sur les bactéries radio-résistantes. Oui, en fait y en a plusieurs qui résistent au rayonnement gamma.

Nous développons au sein de notre équipe, un esprit de la liberté de l'information scientifique pour s'aider, partager, discuter et faire avancer la science. Le logiciel libre occupe, alors, une place très importante et nous veillons que tous nos élèves explorent, utilisent et découvrent les programmes libres.

Notre serveur est équipé d'un processeur spécifique au Solaris, néanmoins il paraît que Ubuntu-SPARC pourrait être adapté à cette machine. L'affaire n'est pas aussi simple qu'une installation, mais il s'agit d'une mission plus complexe. Ce n'est qu'un début, car le but final, c'est d'interroger des bases de données pré-installées qui seront constamment mises à jour depuis les serveurs sources.

La génomique, la protéomique comparées seront des exercices de routines. La prédiction des fonctions des protéines *inconnues* et de leurs interactomes sera un atout.