

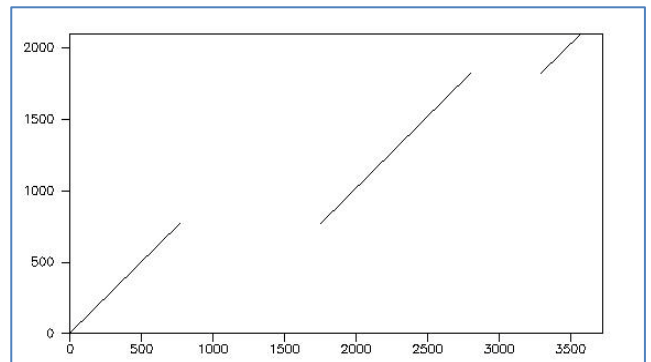
Examen intermédiaire 2013/2014
M1MABS: Harmonisation des Connaissances, partie Bioanalyse
Durée d'examen : 2H (Indiquez vos réponses sur la feuille d'examen)

Exercice 1 : Indiquez sur votre copie les affirmations VRAIES

1. NCBI est un centre de ressources de données sur les maladies génétiques
2. Prosite est une banque de données protéiques
3. Une matrice de poids position permet d'obtenir des profils
4. BLAST est un logiciel d'alignement multiple
5. K-K-[DEN]-X-[MFP]-T-[LIV]-G-[HNT] est un profil
6. Dans un score de distance la pénalité des indels est plus petite que celle des substitutions
7. Une séquence au format FASTA commence par le signe <
8. ClustalW permet de comparer plusieurs séquences entre elles
9. Un dot plot est une matrice de points
10. Des séquences orthologues sont homologues

Exercice 2 :

1. Quel logiciel a été utilisé pour réaliser le graphique ?
2. Quel type de séquence est présenté sur l'axe des abscisses ? l'axe des ordonnées ? Expliquez.
3. Combien d'alignements locaux seront obtenus ?



Exercice 3 :

Récupérez la séquence GL985084

1. A quel organisme appartient cette séquence ?
2. Cet organisme est-il séquencé ?
3. Représentez l'architecture de la protéine sous forme d'un petit schéma en précisant la longueur en acides aminés de la protéine et la position des domaines fonctionnels et leurs fonctions
4. Quelle est la fonction de la protéine ?

Exercice 4 :

1. Quel était l'objectif de l'analyse présentée ci-dessous ?
2. Indiquez à quoi correspond le terme « Identities » et le signe + sur l'alignement ?
3. Le résultat obtenu est-il significatif ? Expliquez.

```
> emb|CAA90081.1 small GTP-binding protein [Pisum sativum]
Length=215

Score = 285 bits (728), Expect = 2e-94,
Identities = 138/202 (68%), Positives = 161/202 (80%), Gaps = 7/202 (3%)

Query 8 DFLIKLLLIGDSGVGKSCLLRFSEDSFTSPFITIGIDFKIRTIELDGKRVKLQIWDTA 67
      D+LIKLLLIGDSGVGKSC LLRFS+ SFT SFITIGIDFKIRTIELDGKR+KLQIWDTA
Sbjct 13 DYLIKLLLIGDSGVGKSCLLRFSDGSFTTSPFITIGIDFKIRTIELDGKRKIKLQIWDTA 72

Query 68 GQERFRITITTAYYRGAMGILLVYDVTDESFNNIRTWFANVEQHATEGVNKILIGNKCDW 127
      GQERFRITITTAYYRGAMGILLVYDVTDE SFNNIR W N+EQHA++ VNKIL+GNK D
Sbjct 73 GQERFRITITTAYYRGAMGILLVYDVTDEASFNNIRNWIRNIEQHASDNVKNKILVGNKADM 132

Query 128 EE-KRVVSTERGQQLADELGIPLFLEVSAKSNINIDKAFYSLAADIKKRLIDNQKNEQPAA 186
      +E KR V T +GQ LADE GI F E SAK+N+N+++ F+S+A DIK+RL D +P
Sbjct 133 DESKRAVPTSKGQALADEYGIKFFETSAKTNMNVVEEVFFSIARDIKQLADTDSKSEPQT 192

Query 187 SGVNVGESSGSGK-----CC 202
      +N + + +GG+ CC
Sbjct 193 IKINQQDPAANGGQAATKSACC 214
```

Exercice 5:

La séquence ci-dessous est-elle codante ? Indiquez votre démarche pour répondre à la question

>SeqInconnue

```
ATTTCCGAATATGCTGACTTTTGTTCGTGTGTCGTTGTTGGTGAGGGAAGAC
CTTTCTCCATCGACATTGATGTTGGAAAGACCGTCGATCATCTCAAGAAG
AAGATCAAGGAAGAGAACAAGAACACAATTTCTTGTGATGCGAAGGATCT
CCAGCTTTATCTGGCTTTGAAGGGTGGTTTACAGTTAAAGGATGGTGCGT
GGCTGTCTGACGAAGACCCTGATTTGGAAGGCCTTTCTCAACCCGCTGAA
GGAAACACAGTGTACCAAAGTATGTCAATGAAGAAAGAAAGATGAGAGA
AACCAAGAAGCTTTCCAACACTTTTTCTGGTGGTGAAGATTACCCTGAAT
ATTGCGACGAAAAAATTCATGTGGTGGTGATTGTTCCAGAAGTTCCTTTG
TTGAAGGTGACCGCTCTAGAACCCTCAGTGCCAGTGCATCCCAGTGTGA
CAGGAAGAGGCGATTTGATGAATTGAATCAAATCCTATCACAAGCTGAAA
TTGACGCATCAAATGATTCAAACAAGAAGCCAAAGAAATCTTCGAATTTT
TCTTCAATCAAATGGGAATTGGTGCACCCCTTGTTTAGCCGCGTTATGTC
GGCATAATGAACAAGAAGAAAAAGCCATTCCGCGTGAAATTCGCAAGAAC
TCCAGGATTACTCTGCCCGTGCCTCACATGTTTCGAGCTGTCCAGTTGT
TCGGAGGCCACTCTCAACATCTTTATGCCCCAGTGCCTGGTCCAAGTATG
TGCATTATTTAACGGTGACATCAAAATCTTTGGAAAAGAACTCTGAAAG
GGAAATATGTGAAGGCAAATGGTCGTTTTGAATTTGTATTGAGGAGAGGA
CTGAAGAGCATTTTCATTGTTGAAGCGAAGAAAGAGGATTTTCGATCAAGG
TGCTGCGCAAGAATTGGTTGGGGCGGAAGTTGCGGCTGAGTTGGGAAGTT
TGAATGTTGTTTATGGGATCGTGACAAACTTCAAGGAATGGGTGTTCTTC
AAGAGCTCGAATACCAAAATTTGAGAAAGATGCATCTTTCATGTATCATCC
ACCCAAACCATATTCAATGGAACAATGTTGGCGAAAGCGACTGCCAAAA
TTTACGCCATACTTTTTGAATAACAATTTTATCAATGTTGGCTCAGTGG
GTAAACAGCTAATTCATTCATCGGTGCTGTTTTTTTTGCTTGAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```