

Examen intermédiaire 2012/2013
M1MABS: Harmonisation des Connaissances, partie Bioanalyse
Durée d'examen : 2H (Indiquez vos réponses sur la feuille d'examen)

I) Définissez en quelques mots les termes suivants :

ENTREZ, db_xref, COGEME, EST, EXPASy.

II) Recherche dans les banques via l'utilisation de mots clés :

Sur le serveur de NCBI, vous devez faire une requête pour récupérer les séquences protéiques qui sont codées par le gène BCL2 appartenant au Rat (*Rattus norvegicus*) et qui jouent le rôle de régulateur d'apoptose (apoptosis regulator).

- 1) Noter la requête permettant d'obtenir ce résultat.
- 2) Combien de résultat(s) obtenez-vous ?
- 3) On s'intéresse maintenant à la séquence NP_058689.1
 - a) Regardez la fiche de la séquence correspondante : comment s'organise cette fiche?
 - b) Quel est le nom de cette protéine ?
 - c) Dans quel journal scientifique les travaux concernant cette protéine ont-ils été publiés?
 - d) Sous quel numéro cette publication est-elle référencée dans PubMed?
 - e) Cette protéine est-elle sécrétée? Comment avez-vous identifié l'information ?

III) Alignement de deux séquences nucléiques [Xlev Rhodop1](#) et [Xlev Rhodop2.seq](#).

- 1) Comparez ces deux séquences avec Dotplot avec comme paramètre : wordsize=60 et Threshold = 80. Que pouvez-vous conclure?
- 2) Combien de gaps observez-vous lors d'un alignement global?
- 3) À quoi correspond le pourcentage de similarité?
- 4) Faites un alignement local avec ces deux séquences. Pourquoi les résultats sont différents entre l'alignement local et global? Notez le pourcentage d'identité, similarité, gap et score de chaque alignement.
- 5) Quel(s) hypothèse(s) vous pouvez faire sur la nature des séquences nucléiques ainsi que celle des gaps créés entre ces deux séquences?

IV) Analyse d'une séquence protéique

- 1) Récupérer la séquence protéique P49950.2. Cette protéine contient-elle des domaines ? Si oui, donnez leur(s) fonction(s) et positions.
- 2) Cette protéine contient-elle des séquences transmembranaires ? Comment avez-vous trouvé cette information ?
- 3) Représenter l'organisation de cette protéine sous forme d'un petit schéma.
- 4) Est-ce que vous retrouvez les mêmes informations sur la fiche GenPept de la séquence ?

V) Recherche d'ORF

>Seq

```
CACCATCATGAAGGCCACCTACATCTCCCTTGCCCTCGCTGTCGTCTCGGCCAAGCAATT
CGACCCCTGCACCAAGGATTCTGAATGCGGCAATGGTTTCTTCTGCAAACCCACCGACGA
CAAGAAGTTCTCCATGTGCCAACCCAACGAAGCCAAGGGAGACGGCAAGCAATACTCGGT
CTGCAAGAACAACGGCGACTGCCAATCGGGATTCTTCTGCAAGCCCACCAACGACAAGAC
CTTCTCGATGTGCCAAGCCAACGAAAGCTGCGGCAAGCGCTGGTCTCAATGTGGTGGCAG
CAGCTTTGTTGGCTCGAGCTGCTGTGAAGATGGTTCCGCCTGCAAGAAATGGAACACCTG
GTACTCCCAATGCGTGCCCAAGGAATGGGTCCGTGATGCTGAACAATCTTGCATCAACGT
GAGCGTGGAAGGCGATGCCACCTACTGCTCCAAGGGACCCATCTGCGGTGGTGGTGGTTC
CAACTGCCCAAGAAGGGTGATGTGCTGCTGCTGACTGCGTGAAGACCTTGACCAGCTA
CGTTGGTGCCAACGCCAAGTGTGTGGCCCTGAAGATGCTACGTGCAAGAAGATCAAGAC
TGGTGCCTGGGGATGCGTCTGGAACCTCAAGGCTCCTCAAAAAGGATGCTGAAGATGATGA
ACAATCGTGCACCAACGTGAGCGTTGTTGGTGATGCCACGTA CTGCGTGAAGGGACCAAT
TTGCGGTGACCAAGGCGACGCTTGCCCAAAGAAGGGTGATGTTGCCGTCGCTGACTGCAT
CAAGACTTTGAACAGCTACGTGGATGCCTCGAAGTGCCTTGTCTCTACCGATGCCACTTG
CCAAAAGATCCCGAGCGGTGCTCGCGGCTGTGTGTTTGGTGCCGTGCCAGCTTCGACTGG
TGCTCCTGCAACCACCTCGGCCCGGCCAGCCTCCACCTCTGCTCCTGCCACCCTGG
TGCCAACAACAACAACAAGCAATGCAGCACCAACTGGAGCCAATGCAACGGCCAAAAC TG
GCCATACGGCGTGTGCTGCCAAGACCCCCAGCTTCCAATGCAACAAGAAGAACGAATACTT
GTCGTTGTGCGAACCCAAGGACAAGAAGCGCGATGCTGAAGATGATGAAGTCGCCGTGTG
GCAACAATGCGGTGGCATTGGCTACAAGGGCGACACTTCGTGCCAAAAGGGCAACGTGTG
CAAGAAGATCAACGACTACTACTCTCAGTGCCAACCCGACAAGGATGTGTCTGGCCAACC
GACTTGGTCTCAATGCGGCGGCAAGGACTACTCTGGCAAGACGGACTGCCGCGCTGAAAA
CAAATGCCAGAAGTGGAACGACTACCACTCCCAATGCATCCCAACTAACTTTTCTAA
```

Cette séquence est-elle codante ? Indiquez votre démarche pour répondre à la question.