
Corrigé type de l'Examen de Bioinformatique**Exercice 1 : (12 pts)**

I- Cochez la ou les bonnes réponses :

QCM 1 : CONCERNANT LES BANQUES DE DONNEES BIOLOGIQUES, QUELLES SONT LA OU LES PROPOSITIONS EXACTES ? → (4 pts = 2*2)

A) Les trois plus importantes banques généralistes de séquences nucléiques sont GenBank, EMBL et UniProt.

B) La Banque de données GenBank est diffusé par le portail (NCBI) qui se situe aux États-Unis ✓

C) La base de données Prosite est une base de données spécialisée dans l'étude des motifs des protéines ✓

D) Les deux banques EMBL et GenBank sont très différents et donc leur contenu n'est pas comparable.

E) Aucune des propositions ci-dessus n'est exacte.

QCM 2 : CONCERNANT LES OUTILS D'EXPLOITATION, QUELLES SONT LA OU LES PROPOSITIONS EXACTES ?

A) L'objectif de l'alignement est d'identifier les zones de correspondance, nommées mismatch, et les zones de non-correspondance, nommées match. → (4 pts = 2*2)

B) Les divergences entre les séquences sont interprétées comme résultant de mutations ✓

C) Le programme « CLUSTAL » permet de réaliser un alignement multiple de deux séquences ou plus (protéique et aussi d'ADN).

D) Le programme « BLAST » permet de réaliser un alignement par paires qui est l'alignement local ✓

E) Aucune des propositions ci-dessus n'est exacte.

QCM 3 : Parmi ces propositions, laquelle s'applique à des matrices dot-plot?

A. Le dot-plot permet seulement la visualisation de similarités local.

B. Le dot-plot permet la visualisation de répétitions directes ou inversées ✓ → (2 pts)

C. Le dot-plot produit un alignement global.

D. Le dot plot est une matrice de substitution qui s'applique pour les séquences nucléiques et protéiques

QCM 4 : Concernant la famille des Algorithmes de la programmation dynamique

A. La programmation dynamique à pour but de trouver l'alignement avec le score de similarité le moins élevée

B. L'algorithme de Needleman & Wunsch est utilisé pour construire l'alignement local optimal

C. L'algorithme de Smith and Waterman est utilisé pour trouver le ou les alignements globaux optimaux

D. Dans l'algorithme de Needleman & Wunsch l'initialisation se fait toujours par des valeurs multiples de Δ (Δ est la constante pénalisante) ✓ → (2 pts)

E) Aucune des propositions ci-dessus n'est exacte.

Exercice 2 : (8 pts)

1. Donner le score des alignements ci-dessous, les coûts d'événement sont **match=2, mismatch=1, gap = -1**.

Alignement (1)									Alignement (2)								
G	T	T	A	C	G	A	C		G	T	T	A	C	G	A	C	
-	T	T	C	C	G	-	-		-	-	-	A	C	C	G	-	
-1	2	2	1	2	2	-1	-1	6	-1	-1	-1	2	2	1	1	-1	2
1 pts									1 pts								

2. Soit la matrice de programmation dynamique suivante :

-	-	A	T	C	G	A	A
-	0	0	0	0	0	0	0
C	0	0	0	5	1	0	0
A	0	5	1	1	2	5	5
T	0	1	10	6	2	1	2
A	0	5	6	7	3	7	6
C	0	1	2	11	7	3	4

a. Quel est le type de l'alignement optimal recherché : **local (0,5 p)**; Justifiez : **parce que l'initialisation de la matrice se fait avec des 0 (pour la 1^{ère} ligne et la 1^{ère} colonne) (0,5 pts) ce qui indique que l'algorithme appliqué c'est l'algorithme de Smith & Waterman, de plus on voit que la table finale ne contient pas des valeurs (-) → (0,5 pts)**

b. Quel est le score de cet alignement ? **11 (0,5 pts)**; Comment l'avez-vous obtenu? **a été obtenu en recherchant la case de la matrice de programmation dynamique contenant la valeur maximum (0,5 pt)**

c. Déterminez à partir de la matrice le meilleur chemin ainsi que l'alignement optimal correspondant ?

Le meilleur chemin = 0, 5, 10, 6, 11 → (0,5 pts); L'alignement optimal correspondant = 1 pts = 0,25*4

-	A	T	-	C	G	A	A
C	A	T	A	C	-	-	-

3. Complétez les données sur le graphique → **2 pts = 0,5 * 4**

