

Nom : .....

Prénom : .....

**Examen de Bioinformatique (Durée : 1 h)****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 ?**

- 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.
- 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.
- 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  $\Delta$  ( $\Delta$  est la constante pénalisante)
- 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	-

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 : ..... ; Justifiez : .....

.....  
 .....

b. Quel est le score de cet alignement ? ..... Comment l'avez-vous obtenu? .....

.....

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

.....  
 .....

3. Complétez les données sur le graphique

