

Université: Mohamed Elbachir El- Ibrahimi Bordj Bou Arréridj

Faculté: Sciences de la Nature et de la Vie et des Sciences de la Terre

Département: Sciences Biologiques

Année Universitaire: 2021 / 2022

Amara Kerdja R.

1ère année - Domaine: Sciences de la Nature et de la Vie - Filière: Sciences biologiques - Spécialité:

Biochimie. - 1^{er} Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date : 17-02-2022

Résultats de l'examen de la matière : b i / BIO INFORMATIQUES / UE Méthodologique

Coef. examen: 60.00 % Coef. CC: 40.00 % Coef. de la matière: 3

Crédit: 5.00

Code UE: UEM0

Matière non requise

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
1	ABDESSETTAR Imene	181833051117	N	10,50	11,75						
2	AKBACHE ISMAHENE	201533063778	N	10,25	11,50						
3	AMARA KHOULOU	181833051174	N	10,25	11,50						
4	ARABA MANEL	181833052288	N	14,00	13,50						
5	BACHENE LOUIZA	181833049744	N								
6	BELDJOUDI NAFISSA	171733055958	N	17,00	15,00						
7	BELGAMI ZAKARIA	181833051248	N	14,00	15,25						
8	BEN ABD ALLAH RANIA AFAT	171733057484	N	08,25	10,50						
9	BENADDA AMIR DJEBRIL	181833060228	N								
10	BENDJABALLAH HOUDA	181833051616	N	14,75	14,00						
11	BENDRIMIA AMEL	181833052159	N	09,00	11,00						
12	BENSADI NEDJMA	181833051568	N								
13	BENSEGHIR FADOUA	181833057480	N								
14	BISSET MAROUA	181833051521	N	10,50	11,75						
15	BOUDIAF KAWTHER	181833053362	N	14,25	15,25						
16	BOUKHALFA HADJER	181833052661	N	13,50	13,25						
17	BOUKHARI KAHINA	181833051451	N	10,50	13,75						
18	BOUSSOUAR ROMAÏSSA	181833049811	N	13,50	13,25						
19	BOUZEROURA KHAOULA	171833060460	N	13,50	13,25						
20	BRAHIMI NESRINE	181833052657	N	15,50	15,25						
21	CHARIFI OUMELKHEIR	181833051001	N	11,75	12,25						
22	CHEMALI RACHIDA	201633063120	N	12,00	12,50						
23	DEFFAF KARIMA	171833061136	N	12,50	12,75						
24	DERRADJ AYA	181833056634	N								
25	DERRADJ SERINE	181833053275	N	11,25	12,00						
26	FHAÏMA AMIRA	161833060003	N	10,50	11,75						
27	FITAS AMIRA	181833051017	N	15,00	14,00						
28	GHANEM FATIMA ZOHRA	181833054639	N	11,25	12,00						
29	GUERIANE CHAYMA	171733063810	N	14,75	14,00						
30	HAMMA NADJELA	171733062549	N	10,50	11,75						
31	HAMMICHE AYA	181833049706	N	15,00	14,00						
32	HANNICHE NOUR ELHOUDA	171733068600	N	11,00	12,00						
33	HERRICHE FATMA	181833054631	N	19,50	20,00						
34	HIRECHE LOUNDA	181833054644	N	13,25	13,00						
35	LAÏB DOUNIA	161733067548	D	12,75	12,75						
36	LAÏEB SALSABYL	181833053280	N	18,50	19,50						
37	LATAMNA NOR EL HOUDA	171833061476	N	13,25	15,25						

Université: Mohamed Elbachir El- Ibrahimi Bordj Bou Arréridj

Faculté: Sciences de la Nature et de la Vie et des Sciences de la Terre

Département: Sciences Biologiques

Année Universitaire: 2021 / 2022

1ère année – Domaine: Sciences de la Nature et de la Vie – Filière: Sciences biologiques – Spécialité:

Biochimie. – 1 ier Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date : 17-02-2022

Résultats de l'examen de la matière : b i / BIO INFORMATIQUES / UE Méthodologique

Coef. examen: 60.00 % Coef. CC: 40.00 % Coef. de la matière: 3

Crédit: 5.00

Code UE: UEM0

Matière non requise											
N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
38	LAYADI IKRAM	181833049721	N	08,00	19,50						
39	MAADADI KAOUTHER	181833055941	N	18,00	17,00						
40	MAHDJOUR NADJAT	20073079042	N	12,75	15,50						
41	MEDJIR REBH HOUDA	201533065915	N	10,50	11,75						
42	MOUSSA RAHMA	181833051216	N	17,75	15,50						
43	OUAREM SOUMIA	171733062458	N	15,50	14,25						
44	RABAA WISSAM	181833056485	N	13,25	13,00						
45	RIGHI DALAL	181833053240	N	14,25	13,00						
46	SAADOU DI BTIHAL	181833053183	N	16,50	15,25						
47	SAIDOUNI SIHAM	2003413480	N	13,50	13,25						
48	SEBHI HAIFA KELTOUM	181833050062	N	15,50	12,25						
49	TIET AMIRA	181833052164	N	18,00	12,50						
50	YAHIAOUI AMAR	209434647	N	10,25	11,75						
51	YOUSFI FERYAL	181833057234	N	11,75	12,25						
52	ZETCHI DINA	181833051202	N	10,25	11,50						

Dr. Amara Kerba Raouf.

Corrigé Type de l'EMD + Interrogation : Semestre (1) – 2021/2022 / Niveau : 1^{ère} Année Master

Spécialités : Biochimie / Toxicologie / Microbiologie

Matière : Bioinformatique / Date : Le 14/02/2022 / Durée : 1h30

QCM (Questions à choix multiples), Merci de cochez avec un (X) là ou les bonnes réponses.

Il y a 53 bonnes réponses soit 0,38 pts par réponse juste

Attention : Chaque mauvaise réponse annule automatiquement une bonne réponse.

01) La bioinformatique est l'approche ☒ *in silico* de la biologie

02) Les domaines d'application de la bioinformatique :

- ☒ Stockage et gestion des données
- ☒ L'annotation des séquences
- ☒ L'analyse de séquences
- ☒ L'analyse phylogénétique

03) Les outils bioinformatiques sont utilisés pour faire :

- ☒ La comparaison de séquences génomiques et protéiques
- ☒ Dédurre la fonction d'une protéine

04) L'outil bioinformatique ExPASy Translate :

- ☒ Un outil de traduction conceptuelle
- ☒ Permet la traduction d'une séquence nucléotidique (ADN/ARN) en une séquence protéique.

05) Pour la technique classique de sanger, les fragments de la banque d'ADN matrice doivent être d'une longueur :

- ☒ 1000 bp maximum

06) La technologie des séquenceurs capillaires (Sanger automatisés) :

- ☒ Synthèse enzymatique en présence d'inhibiteurs d'élongation, les ddNTP et électrophorèse
- ☒ Multiplication bactérienne ou PCR classique
- ☒ Nombre de nucléotides lus par expérimentation dépendent du nombre des tubes capillaires

07) Quelle est la technologie utilisée par Illumina

☒ Synthèse enzymatique, inhibition réversible de l'élongation et suivi de la fluorescence du dNTP incorporé

08) La technique Illumina utilise

☒ Bridge PCR (Par pontage)

09) Sur le séquençage :

☒ La technologie NGS est aussi appelée technologie de séquençage de 2^{ème} génération

☒ Le pyroséquençage et la technique Illumina sont couramment utilisés en combinaison avec la technique de Sanger pour le séquençage de novo

☒ La longueur de la lecture des techniques NGS est supérieure à la technique automatisée de sanger

☒ La technique de sanger et les techniques NGS nécessitent l'amplification préalable du fragment d'ADN à séquencer

10) La technologie de séquençage Ion-Torrent :

☒ Longueur de lecture : jusqu'à 400 bp

☒ Synthèse enzymatique et détection d'ions (H^+) libérés durant la polymérisation de l'ADN

11) _____ est une base de données spécialisée dans la bibliographie :

☒ PubMed

12) L'ensemble des informations relative à une séquence biologique qui sont stockés dans une base de données est nommée :

☒ Une entrée

13) Le format FASTA :

☒ Appelé aussi format (Pearson)

☒ Plusieurs séquences peuvent être mises dans un même fichier

☒ Le format le plus utilisée en bioinformatique

☒ Le caractère ">" marque le début de descriptif de la séquence

14) EMBL-EBI est une base de données :

☒ Aucune réponse n'est juste (EMBL-EBI est un site portail)

15) Le site NCBI (American National Center for Biotechnology Information) :

☒ Est le site officiel du programme BLAST

☒ Est une ressource bioinformatique "Web" ou " Point-and-click "

☒ Donne accès un plusieurs bases de données (GenBank, PubMed, ...etc.)

☒ Fournis de nombreux outils bioinformatiques

16) Lesquels des éléments suivants sont des bases de données nucléiques

☒ Aucune réponse n'est juste

17) En bioinformatique le numéro d'accension (AC, accession number) :

☒ Est un identifiant unique pour les séquences (ADN ou protéine) enregistrée dans une base de données

☒ Est un moyen stable d'identifier une entrée dans une base de données

☒ Est composé de caractères alphanumériques

☒ Permet un suivi des différentes versions d'une séquence enregistrée et des séquences associées

18) Parmi ces bases données laquelle est spécialisée dans la structure 3D des protéines :

☒ PDB

19) Que permet l'alignement de séquences ?

☒ D'en évaluer la similarité

☒ De faire de l'annotation fonctionnelle

20) Une suite finie et non ambiguë d'opérations ou d'instructions permettant de résoudre un problème sont appelés :

☒ Algorithme

21) Quel type d'alignement simple suppose que deux séquences présentent une similitude sur toute la longueur.

☒ Global

22) Le programme GeneScan est un outil bioinformatique :

☒ De recherche d'objets génétiques chez les eucaryotes

☒ Utilisé en annotation syntaxique

23) Le programme BLAST est utilisé en bioinformatique pour :

☒ L'annotation fonctionnelle

24) Le programme BLAST utilise comme séquence requête une :

☒ Séquence nucléotidique

25) Le processus de recherche d'objets génétiques sur une séquence nucléique est appelé :

☒ Annotation syntaxique



26) Les programmes cités ci-dessous sont des programmes d'alignement des séquences sauf :

- ☒ RStudio
- ☒ Python
- ☒ BioMart

27) Les îlots CpG et L'initiateur (INR) :

- ☒ Aucune réponse n'est juste

28) Quel est le nombre de signaux dans les programmes de recherche de gènes chez les organismes eucaryotes ?

- ☒ 14

29) Parmi les signaux suivants, lequel n'est pas utilisé dans les programmes de recherche de gènes chez les organismes procaryotes

- ☒ Ilots CPG
- ☒ Junction intron-exon

