

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 Korba R.
[Signature]

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

TOXICOLOGIE – 1 ier Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date : 17-02-2022

Résultats de l'examen de la matière :B IN / BIO INFORMATIQUES / Méthodologique12

Coef. examen: 60.00 % Coef. CC: 40.00% Coef.de la matière: 2 Crédit: 4.00 Code UE: UE12

Matière non requise

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
1	ABBAS SOUMAYA	181833055592	N	14,25	13,75						
2	AGDOUCHE TAOUS	171733067954	N								
3	ALLOUCHE KENZA	171733057760	N	08,50	10,75						
4	AMARA ASSIA	181833055508	N	12,75	13,00						
5	AMROUNE AMEL	181833049684	N								
6	BAALI CHEYMA	171733058687	D								
7	BAATOUCHE MANAL	181833055950	N	08,00	10,50						
8	BECHANE RAHMA	181833056422	N	13,25	13,25						
9	BELFEGROUNE NADA	181833050028	N								
10	BELGUERRI MAROUA	201433059740	D	06,75	10,00						
11	BENABBAS MANEL	181833056219	N								
12	BENHIZIA LUIZA	201533066554	N	10,25	11,50						
13	BENKARI RAHMA	161633064620	N								
14	BOUFALA ASMA	171733057187	N	04,50	08,75						
15	BOUMEZBEUR ASMA	171733055548	N	08,50	10,75						
16	DAMMA ACHOUAK	181833049678	N	06,50	09,75						
17	DEBBICHE MEBARKA	181833055019	N	07,00	10,00						
18	DEFFAF HOURIA	161633064587	D	08,25	10,75						
19	DERARDJA SALIMA	171733057570	N	08,75	11,50						
20	DJABALLAH CHEYMA	161633066099	N	06,50	09,75						
21	HAMADENE MILOUD	181833053413	N								
22	HAMALAT LOUBNA	171733055854	N	07,25	10,00						
23	HERIZI ABDELBARI	201533071381	N	13,50	13,25						
24	KATEB SAFA	171733057629	N	10,75	11,75						
25	KOUIDER MARWA	181833055663	N	12,75	12,75						
26	LABIDI RAYANE	181833053264	N	10,75	11,75						
27	MERABET MANAL	181833051556	N	12,75	12,75						
28	MERAZGUIA SELMA	181833055899	N	10,75	11,75						
29	MESSAOUDENE NADJET	171733068539	N	11,75	15,50						
30	OUAREM MOHAMMED	171733057803	N	14,00	13,50						
31	OUCHENE AMOURA	161633062750	N								
32	OUSIDENE MAHA	171733026734	N	09,00	11,00						
33	REMMACHE SARA	161633068168	N	07,50	10,25						
34	ROUABAH HADIL	181833056733	N	07,50	10,25						
35	SAHNOUNE ABIR	171733063824	N	06,75	10,00						
36	SAIDAT AMINA	181833052189	N	10,25	11,50						
37	SENOUCI OUMAIMA	181833055853	N	08,25	10,50						

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:

TOXICOLOGIE - 1 ier Semestre

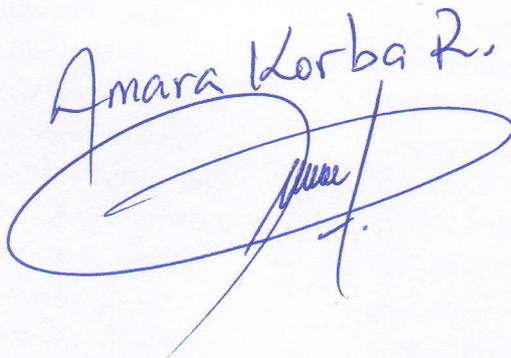
Section N° 1 Groupe N° 1

Date : 17-02-2022

Résultats de l'examen de la matière :B IN / BIO INFORMATIQUES / Méthodologique12

Coef. examen: 60.00% Coef. CC: 40.00% Coef. de la matière: 2 Crédit: 4.00 Code UE: UE12

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Matière non requise								
				Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre	
38	TOUATI CHAIMAA	171733064628	N	07,25	10,00							
39	YATTOU NESRINE	181833051578	N	10,25	17,50							
40	ZEGRAR OUM HANI	181833051099	N	06,00	09,50							

Amara Korba R.




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
- Déduire 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 supérieur 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 spécialisé 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'accèsion (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

