

Université: Mohamed El-bachir El-Ibrahimi de Bordj Bou Arréridj

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

Département: Sciences agronomiques

Année Universitaire: 2021 / 2022

2 ème année Master – Domaine: Sciences de la Nature et de la Vie – Filière: Sciences agronomiques –

Spécialité: Protection des végétaux – 3 ème Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date: 20/01/2022

Résultats de l'examen de la matière: B.MO / Bioinformatique et modélisation / Unité

Enseignement Méthodologie

Coef. examen: 60.00% Coef. CC: 40.00% Coef. de la matière: 02 Crédit: 4.00 Code UE: UE-M

Matière non requise

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
1	AIT MOHAMED CHAHRAZAD	161633031439	N	11,00	14,00						
2	AMARA ZOHRA	171733057331	N	10,00							
3	AMOUR NOUHA	161633067744	N		14,00						
4	BAHLOULI KHAOULA	161633063056	N	10,00	15,00						
5	BEARCIA AYA	161633060789	N	12,50	14,00						
6	BELHADAD KENZA	161633066190	N	08,00	15,00						
7	BELKASMI RIMA	171733062842	N	08,00							
8	BELOUAR RANDA	161633074301	N	10,00	15,00						
9	BENBELOUAER KHAOULA	161633069428	N	08,00	14,00						
10	BENCHENOUF CHEROUQ	161633069462	N	08,50	14,00						
11	BENNIA ANFAL	161633064505	N	10,00	14,00						
12	BENZID KHADIDJA	171733059036	N	09,00	14,50						
13	BOUGUETAYA MENAL	161633063588	N	11,50	14,50						
14	BOUSSADA SAMIRA	961333053832	N								
15	CHARIFI FELLA	181533069901	N	09,00	14,00						
16	DJELOULI KHALISSA	20093044115	N	15,00	14,00						
17	FRACHICHE AMIR	161633060817	N	07,00	14,00						
18	HACHAD AIDA	161633071173	N	11,00	15,00						
19	HAMZAOUI ROMAÏSSA	161633066796	N	12,00	15,00						
20	LACHHEB FATIHA	161633071183	N	12,00	14,00						
21	MEHDJI AHLEM	161633064533	N	10,00	15,00						
22	MERABET KAMILIA	161633061252	N	08,50	14,50						
23	MERROUCHE IBTISSAM	161633064531	N	08,00	15,00						
24	MOGHNINE AICHA NESRINE	171733063818	N	08,00	14,00						
25	OMRI SARA	171733067698	N	10,00	14,00						
26	SAI ABDELAALI	20043100659	N	07,50	15,00						
27	SEHILI AYA	171733055574	N	11,00	14,00						
28	SEKHARA FAWZI	2001389322	N	12,00	15,00						
29	SELLAMI ILHEM	171733067278	N	09,00	14,00						
30	YAHIAOUI HALIMA	171733057412	N	10,00	14,00						

Dr Anli

**Corrigé type Examen session Normale
de Modélisation et Bio-informatique**

1. Qu'est-ce qu'un modèle en agronomie? (05 points)

- Une représentation de certains aspects d'un objet ou d'un phénomène du monde réel.
- Utilisant un système symbolique : équation mathématique, système informatique (langage de programmation, base de données. . .), représentation géométrique (courbes, surfaces, cartes. . .), Interprétable en termes biologiques par exemple

On peut définir un modèle comme étant une représentation simplifiée d'une réalité complexe.

Au terme "modèle" on associe le vocable "système" qui représente la réalité qu'on se propose de modéliser.

Un système peut avoir plusieurs **sous-systèmes** et composantes qui ont des interconnexions et qui correspondent aux différents niveaux d'étude.

En agronomie, le système est représenté par le complexe "**climat-sol-plante**" dont le comportement est modifié par les techniques culturales appliquées.

2. Où trouver les outils de bioinformatique ? (05 points)

Au niveau des Centres de recherche en bio-informatique

Consortium international

Genbank (NCBI) : <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

EMBL (EBI) : <http://www.ebi.ac.uk>

DDBJ (Japon) : <http://www.ddbj.nig.ac.jp>

• Autres sources

UniProt (protéines associant Swiss-Prot (annotée), TrEMBL et PIR) : <http://www.uniprot.org>

PDB (structures macromoléculaires): <http://www.pdb.org>

ENSEMBL (génomomes annotés) : <http://www.ensembl.org>

Gene ontology: <http://www.geneontology.org>

3. Qu'est ce que GenBank et FASTA? (05 points)

GenBank contient l'ensemble des **séquences nucléiques**, quelle que soit leur nature (**ADN génomique, ARN messenger, ...**). Les séquences produites dans les laboratoires du monde entier à partir de plus de **100 000 organismes différents** sont régulièrement **soumises au NCBI**.

Chaque séquence de GenBank possède deux identifiants : le **numéro Accession** et le **Gi** (prononcé ji-aïe !).

1. Le numéro Accession

C'est un identifiant unique à chaque séquence. Il est composé de lettres et de chiffres (parfois d'un underscore '_'). Il **n'est jamais modifié**, même si l'enregistrement est corrigé à la demande de l'auteur. Pour une combinaison 'accession.version' existe un numéro **Gi unique**.

2. Le Gi (GenInfo Identifieur)

Le Gi est un nombre qui est spécifique à une séquence.

Le format FASTA signifie (Fast – alignment) (Alignement rapide)

Il existe des programmes d'alignement "FAST-B" (pour protéine) et "FAST-N" (pour nucléotide). Une séquence au format FASTA commence par une ligne de titre (nom, définition ...), suivie par les lignes de la séquence.

La ligne de titre se distingue de la séquence par un symbole plus grand que (">") en début de ligne. La longueur de cette ligne ne doit pas excéder 200 caractères. Il est recommandé de mettre la séquence sous forme de lignes de 80 caractères maximum. Un exemple de séquence au format fasta

4. Comment classer les modèles en fonction de la forme? (05 points)

a) Modèle conceptuel

Les modèles conceptuels ou verbales sont des modèles basés sur l'utilisation d'un langage naturel pour la description et le diagnostic d'un système et/ou sa dynamique.

b) Modèle physique

C'est une représentation physique d'un système, qui projette le fonctionnement réel de l'objet étudié.

c) Modèle diagrammatique

Modèle qui est basé sur des représentations graphiques, schéma (Sketch)...qui illustre des relations et des tendances entre plusieurs objets du système.

d) Modèle mathématique formel

Modèle qui est basé généralement sur l'utilisation des équations algébriques, afin de définir les différents compartiments de système étudié.