

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:

Microbiologie appliquée. – 2 ème Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date : 12-06-2022

Résultats de l'examen de la matière :BGE / Bioinfo–geno–explo / UE Méthodologique2

Coef. examen: 60.00 % Coef. CC: 40.00% Coef.de la matière: 2 Crédit: 4.00 Code UE: UEM11

Matière non requise

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
1	ABADA RACHA	171733067603	N	05,25		14,50					
2	BELALMI AMIRA	171733059705	N	10,00		10,00					
3	BELKACEM SARRA	171733067700	N	/		10,00					
4	BELMEGHERBI ZOUINA	171733063794	N	/		14,50					
5	BENAHCENE IMANE	181833053179	N	03,50		10,00					
6	BENARIES EL YAMINE	181833056642	N	05,50		10,00					
7	BENCHENNAF YOUSRA	171733061842	N	03,50		14,50					
8	BENCHOUIA HANANE	181833049784	N	07,00		/					
9	BENDJEDDOU YASMINA	161633068625	D	06,25		/					
10	BENFEHIMA RIMA	171733057521	N	07,00		10,00					
11	BENSAOUCHA ACHOUAK	21115074423	N	05,00		16,00					
12	BENTOUATI FATEH	2194343368	N	09,50		10,00					
13	BENZEMAM TAOUS	181833051094	N	07,00		/					
14	BEZTOUT LILIA	171733057778	N	08,00		14,50					
15	BOUALLAOUI BOUALEM	181837004813	N	00,50		/					
16	BOUAOUINA DOUNIA	181833051200	N	06,00		/					
17	BOUCHELAL DAHIA	171733060861	N	13,50		14,00					
18	BOUKHELIFA CHAIMA	181833055907	N	07,50		10,00					
19	BOUREGHDAD GHADA	181833052264	N	07,25		14,50					
20	BOUSSEBHA CHAHINESE	171733064349	N	04,00		/					
21	BOUZIANE AMINA	181833060237	N	05,25		/					
22	CHICK SALAH HAMMOU	181839082769	N	09,00		10,00					
23	CHOUCHOU AHMED	2100384225	N	09,50		10,00					
24	DADACHE AMIRA	181833054961	N	07,00		16,50					
25	DEBOUCHA CHAHINAZ	181833056438	N	11,00		10,00					
26	DJILAT RADHIA	171733064316	N	06,00		10,00					
27	DRAOUI DJAMEL EDDINE	181837001041	N	04,00		/					
28	HAMZAOUI ISMAHAN	171733063751	N	04,00		/					
29	HANNIT NAWAL	211433063335	N	11,00		16,50					
30	HOUAIRI NESRINE	171833061438	N	07,00		10,00					
31	KHIER MANAL	181833054168	N	06,00		14,00					
32	LAKHDARI BOUTHEYNA	181833053200	N	10,25		10,00					
33	LAMMARI ZOUINA	171733057531	D	/		10,00					
34	LEFKIR KHAOULA	181833049792	N	06,00		10,00					
35	NEBBACHE DOUNIA	181833051199	N	12,50		17,00					
36	NEZZARI AHLEM	181833054940	N	06,50		14,50					
37	OUAHDY IMANE	171733059747	N	05,00		17,00					

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:

Microbiologie appliquée. - 2ème Semestre

Section N° 1 Groupe N° 1

Date: 12-06-2022

Résultats de l'examen de la matière :BGE / Bioinfo-geno-explo / UE Méthodologique2

Coef. examen: 60.00 % Coef. CC: 40.00% Coef. de la matière: 2 Crédit: 4.00 Code UE: UEM11

Matière non requise

N°	Nom et prénoms	Matricule	Etat	Exam	TD	TP	Conf	Sem	Proj	Stage	Autre
38	ROUABAH AMANE	181833051006	N	08,00		16,00					
39	SEBAI ISMAHANE	171733061729	N	07,00		10,00					
40	SILEM MAROUA	161733068394	N	08,00		14,00					
41	SLIMANI FATIMA ZOHRA	171733061797	N	02,50							
42	SLIMANI MARWA	181833055062	N	07,00		14,50					
43	SOUALMIA DALLEL	171733059048	N	06,00		14,50					
44	TAHRAOUI DOUNIA	181833051198	N	03,00		14,50					
45	TENNACHE DOUNIA	161733067556	N	03,00		10,00					
46	ZETCHI DJOUAIRIA	211333053609	N	10,00		16,50					
47	ZIDANI FATMA	171733063831	D	10,00		10,00					
48	ZITOUNI MERIEM	181833055028	N								



Nom : : اللقب
Prénom : : الاسم
Numéro d'inscription : : رقم التسجيل

Corrigé type de l'EMD : Semestre (2) – 2021/2022
Niveau 1^{ère} Année Master
Spécialité : Microbiologie Appliquée
Matière : Bioinformatique et génomique exploratoire
Date : Le 20/06/2022 / Durée : 1h30

Question 1 : La bioinformatique utilise principalement 3 sources de données, citez-les (1,5 pts)

- Les séquences de nucléotides (ADN - ARNm)
- Les séquences d'acides aminés
- Des informations sur les protéines (notamment leur structures)

Question 2 : Il existe deux approches complémentaires en bioinformatique, Expliquez (02 pts)

- L'utilisation d'outils bioinformatiques disponibles avec interface utilisateur : Applications, logiciel, ou de outils Web (+1000 ressources).
- Les lignes de commandes (Analyse et traitement des données de grande taille ; création et développement de nouveaux outils bioinformatique).

Question 3 : Décrire les différents signaux de recherche de gènes chez les organismes procaryotes (03 pts)

ORF, CDS, RBS, Intiateur de la transcription, Terminateur de la transcription

Question 4 : Décrire en quelques ligne l'usage du programme BLAST (1,5 pts)

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). Est un outil bioinformatique d'annotation fonctionnelle de type Web. L'utilisateur fournit une séquence-requête qui est alors comparée à toutes les séquences d'une base de données choisie. Le résultat de BLAST classe les résultats de similitude en fonction d'un indice de significativité appelé E-value (valeur attendue), le résultat le plus significatif étant le premier de la liste. La valeur E est le nombre d'alignements différents ayant le même degré de similitude, et que l'on peut espérer trouver au hasard, s'il n'existait pas de vraie séquence similaire dans la base de données. Donc, pratiquement, plus la valeur E est proche de 0, moins la similitude est due au hasard.

Question 4 : Décrire les avantages et inconvénients des techniques NGS (2 pts)

Avantage : Plus rapide, moins cher, Nombre de nucléotides lus par expérimentation plus important

Inconvénients : Longueur de lecture réduite, taux d'erreurs important

QCM (Question à choix multiple) : (05 pts).

الدكتور
عبدالله بن
عيسى بن
عيسى بن
عيسى بن

1) ExPASy Translate est un programme bioinformatique qui permet :

Utilisé en annotation syntaxique

2) La construction de la banque d'ADN matrice pour un séquençage avec Ion Torrent :

Aucune réponse n'est juste.

3) Les banques de données généralistes :

Contiennent des données hétérogènes

Toutes les séquences (ADN ou ARN) sont écrites avec des T

4) Quel est la taille minimale d'une ORF pour une recherche de gènes chez des organismes eucaryote ? :

75 pb

5) Sur le séquençage

La NGS en combinaison avec la technique de sanger permet de faire du reséquençage de gènes et du séquençage de novo.

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

Exercice : Analysez bien cet algorithme et répondez aux questions

(05 pts)

```
# dnaSequence = ("ATCGATCGTAGCAGTGACTGTAGTAGTAGCTAGTAGCTAGTCGATCTAGCATGCTAGCTAGTAGCTA")
```

```
aCount = 0
cCount = 0
tCount = 0
gCount = 0
```

```
For n in dnaSequence:
```

```
    if n == 'a':
        aCount = aCount + 1
    if n == 'c':
        cCount = cCount + 1
    if n == 't':
        tCount = tCount + 1
    if n == 'g':
        gCount = gCount + 1
```

```
sequenceLength = len(DnaSequence)
```

```
print ("a : ", aCount)
print ("c : ", cCount)
print ("g : ", gCount)
print ("t : ", tCount)
print ("Percentage of a in your DNA sequence:", ((aCount / sequenceLength) * 100)
print ("Percentage of c in your DNA sequence:", ((cCount / sequenceLength) * 100)
print ("Percentage of t in your DNA sequence:", ((tCount / sequenceLength) * 100)
print ("Percentage of g in your DNA sequence:", ((gCount / sequenceLength) * 100)
print ("the GC in your DNA sequence is: ", ((cCount+gCount)/( sequenceLength))
```

- Le nom : DNA stats, Nucleotide Counter, Compteur de nucléotide
- La fonction : compter les nucléotides et leur fréquence pour une séquence d'ADN
- L'utilité : avoir des informations sur la structure et la composition en base d'une séquence d'ADN
- Le langage de programmation utilisé : Python
- La fonction "len" permet de calculer la longueur de n'importe quelle chaîne de caractère

Les erreurs :

- Ligne 1 : #
- Ligne 1 : La séquence d'entrée est présentée en lettre majuscule
- Ligne 6 : "for" et non "For"
- Ligne 9, 11, 13 : "elif" et non "if"
- Ligne 15 : len(dnaSequence) et non len(DnaSequence)