AMARA KORBA RAOUF/protection des végétaux/Semestre 3/Bioinformatique					
Matricule	Nom	Prénom	EMD	CC	MG
171733063739	علواني/ALLOUANI	أمين/AMINE	2,00	6,00	3,60
161633063576	علون/ALLOUNE	مريم أشواق/MERIEM ACHOUAK	11,00	12,00	11,40
171733063779	عیاد/AYAD	خولة/KHAOULA	1,00	11,50	5,20
161633069365	بلاليط/BELALIT	أشواق/ACHOUAK	8,00	11,00	9,20
171733060831	بلحاج/BELHADJ	أحلام/AHLEM	8,00	13,50	10,20
171733063459	بلميلود/BELMILOUD	الهام/ILHAM	5,00	9,50	6,80
21113052822	بلواضح/BELOUADAH	أمال/Amel	5,00	10,00	7,00
171733060876	بن جدو/BENDJEDDOU	SAFIA/صفية	6,00	11,00	
161633062943	BENZEMAM/بن زمام	IMENE/إيمان	0,00	0,00	0,00
181833051344	بوقطاية/BOUGUETTAYA	SOUNIA/صونيا	5,50	11,00	7,70
171733055539	بوحلفاية/BOUHALFAYA	أروة/AROUA	8,00	13,50	10,20
181833054645	بوزيان/BOUZIANE	لیلی/LEILA	7,50	12,50	9,50
171733059748	شريفي/CHARIFI	IMANE/إيمان	6,50	9,00	7,50
171733063865	شخابة/CHEKHABA	younes/یونس	1,50	11,00	5,30
171833061300	شتوح/CHETTOUH	مروی/MAROUA	15,00		12,80
181833053402	ضياف/DIAF	مریم/MERIEM	2,00	12,00	6,00
161633062781	غربي/GHARBI	ANIS/أنيس	6,50	9,50	
161733068489	غرواط/GHAROUAT	منیرة/MOUNIRA	7,50	10,50	8,70
151533067693	غربي/GHERBI	Amel/آمال	11,50	13,50	12,30
171733057807	غرس الله/GHERSALLAH	محمد أمين/ Mohamed amine	6,00	13,00	8,80
181833052216	حساني/HASSANI	RIHAB/رحاب	6,00	7,50	6,60
171733063122	هزاط/HEZZAT	ASMA/أسماء	11,00	13,00	11,80
161633067548	حوفاف/HOUFAF	أيمن/Aimene	7,50	12,00	
181833056671	الواسع/LOUASSA	الكامية/DAHBIA	6,50	12,50	
171733063135	مخالیف/MEKHALIF	IMANE/إيمان	9,00	11,50	
161633069370	نويوة/NOUIOUA	أميرة/AMIRA	7,00	11,50	
171733057304	ساسي/SASSI	ایناس/INES	7,00	14,50	10,00
181833055954	سویسي/SOUICI	NABIL/نبيل	3,00	9,50	
181833051188	ترایکیة/TRAIKIA	DALLEL/נעל	4,50	9,00	6,30
171733057748	ZEHAR/زهار	فطيمة الزهرة/FATIMA ZOHRA	0,00	0,00	0,00

.

Université Mohamed El Bachir El Ibrahimi de BBA Faculté des SNV-STU Département des Sciences Agronomiques



جـامعة محمـحـالبشـير الإبراميمي - برج بوعريريج – كلية العلوم الطبيعة والحياة وعلوم الأرض والكون قسم العلوم الفلاحية

Corrigé Type de l'EMD : Semestre (1) – 2022/2023 Niveau 2ème Année Master

Spécialités : Protection des végétaux Matière : Bioinformatique Date : Le 15/01/2023 / Durée : 1h30

Partie I : Question de synthèse (06 pts)
Dans un texte de plus de 350 mots, décrivez les relations qui existent entre les bases de données biologiques et les différentes étapes d'annotation des génomes.
En génomique exploratoire il existe 3 étapes d'annotation, à savoir :
 L'annotation syntaxique: Identification des objets génétiques présentant une pertinence biologique (séquences codantes, ARN, séquences répétées, etc.) L'annotation fonctionnelle: Prédiction des fonctions potentielles des objets génétiques préalablement identifiés (similitudes de séquences, motifs, etc.) et de collecter d'éventuelles informations expérimentales L'annotation relationnelle: Détermination des interactions que les objets biologiques préalablement identifiés sont susceptibles d'entretenir (familles de gènes, réseaux de régulation, réseaux métaboliques, etc).
En premier lieu, les bases de données (Sites portails) ont pour rôle de fournir de nombreux programme de prédiction des gènes tel que : GeneScan, GeneMark-E, Glimmer, ORF Finder, Expasy Translate etc .
L'annotation fonctionnelle est fondée sur la recherche de similarité avec des séquences nucléotidiques, des séquences d'acides aminés ou éventuellement des structures déjà décrites dans les bases de données.
Plus le nombre de données augmente dans les bases de données internationales, plus la chance de trouver des éléments déjà décrits dans la nouvelle séquence d'un génome augmente.
Exemple de l'outils BLAST : L'utilisateur fournit une séquence-requête qui est alors comparée à toutes les séquences d'une base de données choisie. Différents sous-programmes existent selon la nature de la séquence-requête et des séquences de la base de données.
Partie II : Répondez par Vrai ou Faux, justifier votre réponse(08pts)
Q1) ORF Finder est un outil bioinformatique de type CLI (lignes de commande)
□ VRAI ou 図 FAUX
Justification : ORF Finder est un outil bioinformatique de type Web (Point & Click)
Q2) La recherche gènes chez les eucaryotes se base uniquement sur la détection de 14 signaux
□ VRAI ou ⊠ FAUX
- Justification: les signaux (13) sont: ORF; RBS; CDS; Initiateur de transcription; Terminateur de transcription, Les séquences promotrices, Les sites de liaison aux facteurs de transcription; L'initiateur (INR); Les îlots CpG;

Jonctions exons-introns ; Signaux 3' ; Les biais d'usage du code génétique ; L'analyse de la composition en base

Q3) Le principe de séquençage de la technique pyrosequençage c es la fluorescence des oligonucléotides hybridés	t : une hybridation avec ligature d'arriorces et suivi de				
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : hybridation avec ligature d'amorces et suivi de la fluores de la technique SOLID.	scence des oligonucléotides hybridés c'est le principe				
Q4) Les outils bioinformatique de type Web sont des d'un niveau d'ut	ilisation avancé				
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : généralement les outils de type Web sont d'un niveau d'utilisation débutant ou intermédiaire.					
Q5) Les site portails offrent seulement l'accès a plusieurs bases de d	onnées biologiques				
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : ils offrent aussi de nombreux outils bioinformatiques					
Q6) Dans la technique de Sanger automatisée, les ddNTP sont marqués radioactivement, généralement c'est le dATP					
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : les dNTP sont marqué radioactivement, généralement c'est le dATP					
Q7) Les programmes de recherche des objets génétiques sont basés sur des algorithmes d'alignement simple.					
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : Les programmes de recherche des objets génétiques sont basés sur des algorithmes incluant la recherhce de signaux tel que : l'ORF, la CDS, RBS etc.					
Q8) La construction de la banque d'ADN matrice nécessite un accès	permanant à internet.				
□ VRAI ou ⊠ FAUX					
Justification : La construction de la banque d'ADN matrice une a fragmentation (Mécanique ou enzymatique) des clones (dans les tec	mplfication préalable de l'ADN matrice ensuite une hniques NGS on ajoute des adaptateurs)				

Partie III : Dessinez un schéma décrivant les différentes étapes du séquençage d'un génome. ADN ou bien génome à séquencer (taille supérieur à 1000 bases) Clonage 8 à 10 copies Fragmentation des clones et séquençage des fragments qui se chevauchent AAATTGTTACTGAAATAGTTGAG **GTTTAGTGCGAAGCCTTTGGCAG** GTTACTGAAATAGTTGAGATTGT TAGTGCGAAGCCTTTGGCAGTAATGC Réassemblage des différents fragments séquencer à l'aide d'un TGAAATAGTTGAGATTGTAGTTATAA AAGCCTTTGGCAGTAATGCTTACT logiciel bioinformatique AAATTGTTACTGAAATAGTTGAG AAGAGTTTAGTGCGAAGCCTTTGG **AGTTGAGATTGTAGTTATAAGAGTTTA** CTTTGGCAGTAATGCTTACTAACT AAATTGTTACTGAAATAGTTGAGATTGTAGTTATAAGAGTTTAGTGCGAAGCCTTTGGCAGTAATGCTTACTAACT Obtention de la séquence finale

Chargé de la matière

Amara Korba Raouf