

ESIL 2^{ème} Année
Examen de Bioinformatique
14 Février 2000

Durée 2 heures
Documents non autorisés

Question 1. (3pt)

Quelle différence y-a-t-il entre un alignement global et un alignement local ? Dans quels cas utilise-t-on l'un et l'autre ? Quel est le type d'alignement employé par Blast ?

Question 2. (2pt)

Distinguez les concepts de similitude et d'homologie.

Question 3. (3pt)

On vous demande si deux séquences protéiques se ressemblent de façon significative. Suggérez un protocole pratique pour répondre, utilisant des outils disponibles sur Internet.

Question 4. (2pt)

Les filtres de Blast. Pourquoi filtrer (masquer) les séquences avant de les comparer? En quoi consiste le masquage ?

Question 5. (3pt)

Considérez l'alignement de séquences en annexe A.

Construisez le motif Prosite correspondant à cet alignement, avec les symboles :

[abc] pour « a ou b ou c »

x pour résidu indéfini

(x,y) pour répétition x à y fois

Par souci de simplicité, nous considérerons une position comme indéfinie si elle contient 5 résidus différents ou plus.

Quelle autre méthode connaissez-vous pour représenter un tel alignement ? Quel est l'inconvénient de la représentation de type Prosite ?

Question 6. (3pt)

Vous disposez d'une séquence de cDNA que vous voulez caractériser fonctionnellement. Avec quel programme et à quelle banque de données allez-vous la comparer ? Justifiez.

Question 7. (4pt)

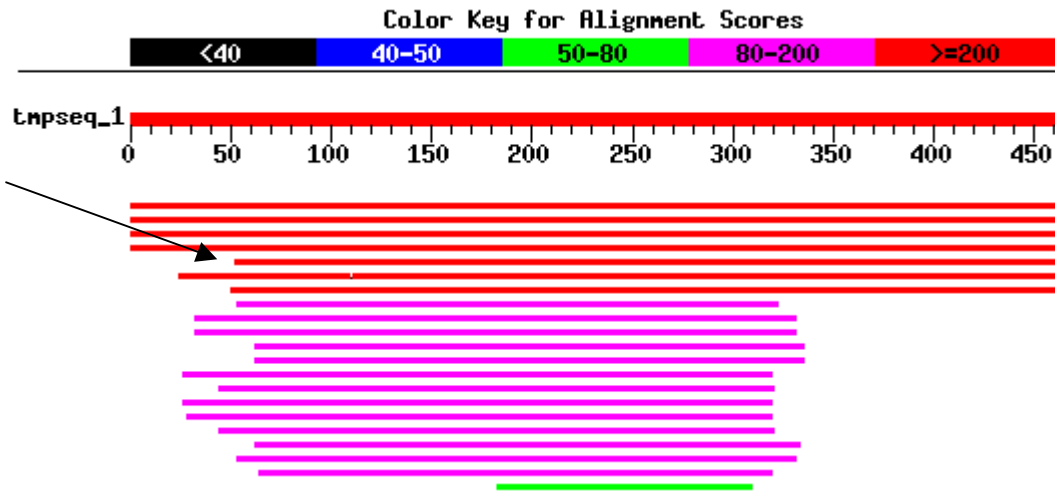
Une séquence de cDNA humain a été traduite, puis comparée avec Blastp à la banque nr. Le résultat de Blast est présenté en annexe B.

L'alignement correspondant à la cinquième ligne rouge (flèche) est présenté en B2. En quoi la séquence trouvée ici diffère-t-elle de la votre ? S'agit-il à votre avis du même gène ? Proposez une explication pour la différence observée.

ANNEXE A

M.genitalium	AQSRAQSKTYE
M.pneumoniae	AQSRSESKTYE
M.gallisepticum	EEASAESKTYD
B.subtilis	EE-KERDVTYS
S.aureus	EE-KNRDATYA
M.leprae	EE-KDKDMTYA
M.tuberculosis	DE-KDKDMTYA
M.smegmatis	DE-KDKDMTYA
Synechocystis	DE-KRRDASYS
T.pallidum	AE-KQKGLTYA
B.burgdorferi	KE-KRKGQSYE
L.biflexa	QE-KDTDSSYA
B.henselae	EECRQRDLTYA

ANNEXE B



B2 :

bbs|178627 (S82496) ETX1 {alternatively spliced} [human, retina, Peptide, 451 aa] [Homo sapiens]
Length = 451

Score = 832 bits (2127), Expect = 0.0
Identities = 396/412 (96%), Positives = 396/412 (96%)

Query: 53 DTPWCSPKIKVKYGDVYCRAPQGGYYKTALGTRCDIRCQKGYELHGSSLLICQSNKRWSDK 112
DTPWCSPKIKVKYGDVYCRAPQGGYYKTALGTRCDIRCQKGYELHGSSLLICQSNKRWSDK
Sbjct: 40 DTPWCSPKIKVKYGDVYCRAPQGGYYKTALGTRCDIRCQKGYELHGSSLLICQSNKRWSDK 99

Query: 113 VICKQKRCPTLAMPANGGFKCVDGAYFNRSRCEYYCSPGYTLKGERTVTCMDNKAWSGRPA 172
VICKQKRCPTLAMPANGGFKCVDGAYFNRSRCEYYCSPGYTLKGERTVTCMDNKAWSGRPA
Sbjct: 100 VICKQKRCPTLAMPANGGFKCVDGAYFNRSRCEYYCSPGYTLKGERTVTCMDNKAWSGRPA 159

Query: 173 SCVDMPEPRKICPSVKERIAEPNKLTVRVSWETPEGRDTADGILTDVILKGLPPGSNFPE 232
SCVDMPEPRKICPSVKERIAEPNKLTVRVSWETPEGRDTADGILTDVILKGLPPGSNFPE
Sbjct: 160 SCVDMPEPRKICPSVKERIAEPNKLTVRVSWETPEGRDTADGILTDVILKGLPPGSNFPE 219

Query: 233 GDHKIQYTVYDRAENKGTCKFRVKVVRVKRCGKLNAPENGYMKCSSDGDNYGATCEFSCIG 292
GDHKIQYTVYDRAENKGTCKFRVKVVRVKRCGKLNAPENGYMKCSSDGDNYGATCEFSCIG
Sbjct: 220 GDHKIQYTVYDRAENKGTCKFRVKVVRVKRCGKLNAPENGYMKCSSDGDNYGATCEFSCIG 279

Query: 293 GYELQGS PARVCQSNLAWSGTEPTCAAMNVNVGVRTAAALLDQFYEKRRLLIVSTPTARN 352
GYELQGS PARVCQSNLAWSGTEPTCAAMNVNVGVRTAAALLDQFYEKRRLLIVSTPTARN
Sbjct: 280 GYELQGS PARVCQSNLAWSGTEPTCAAMNVNVGVRTAAALLDQFYEKRRLLIVSTPTARN 339

Query: 353 LLYRLQLGMLQQAQCGLDLRHITVVELVGVFPTLI GRIGAKIMXXXXXXXXXXXXXXXXXX 412
LLYRLQLGMLQQAQCGLDLRHITVVELVGVFPTLI GRIGAKIM Y
Sbjct: 340 LLYRLQLGMLQQAQCGLDLRHITVVELVGVFPTLI GRIGAKIMPALALQRLRLRIPLY 399

Query: 413 SFSMVLVDKHGMDKERYVSLVMPVALFNLDITFPLRKEEMVLQAEMSQTCNT 464
SFSMVLVDKHGMDKERYVSLVMPVALFNLDITFPLRKEEMVLQAEMSQTCNT
Sbjct: 400 SFSMVLVDKHGMDKERYVSLVMPVALFNLDITFPLRKEEMVLQAEMSQTCNT 451