# ESIL 2<sup>ème</sup> Année Examen de Bioinformatique

Session de septembre 1999

Durée 2 heures Documents non autorisés

#### Question 1.

- 1.a. Définissez le terme EST (Expressed Sequence Tag)
- 1.b Donnez deux utilisations possibles des banques d'EST

## Question 2.

Qu'est-ce qu'un génome-modèle ? Pourquoi séquencer des génomes-modèle alors que le séquençage du génome humain est en cours ?

#### Question 3.

Une séquence non identifiée est comparée avec Blastn à la banque nr. Le résultat obtenu est présenté en Annexe 1.

Commentez le résultat (Figure et texte)

#### Question 4.

Une séquence provenant théoriquement d'un ARNm est comparée avec Blastn à la banque nr. Le résultat obtenu est présenté en Annexe 2A.

### 2.a Discutez la valeur statistique des résultats

Tous les *hits* de la colonne de gauche ressemblent à celui montré en annexe 2B. Tous les *hits* de la colonne de droite ressemblent à celui montré en annexe 2C.

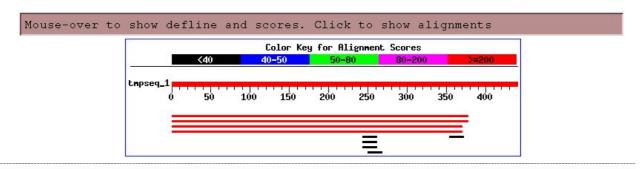
### 2.b Comment interprétez-vous ces résultats biologiquement?

#### Question 5.

Il existe deux sortes de programmes d'alignement de séquences : ceux qui comparent deux séquences à la fois (comme Blast ou Fasta) et ceux qui comparent un nombre indéfini de séquences (comme Clustal). Quelle est l'utilité de chacun de ces deux types de programmes ?

## Annexe 1

# Distribution of 9 Blast Hits on the Query Sequence

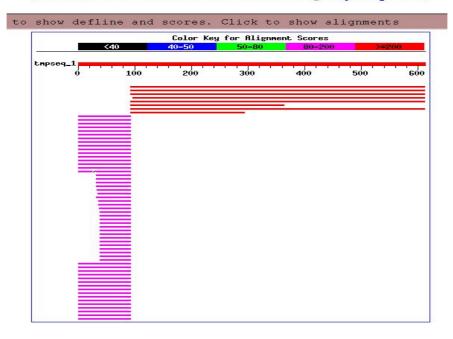


Sequences producing significant alignments:	Score E (bits) Value
gb U53505 RNU53505 Rattus norvegicus type II iodothyronine dbj AB011068 AB011068 Rattus rattus mRNA for type II iodoth gb AF177196.1 AF177196 Mus musculus type II 5'-iodothyronin gb AF096875 AF096875 Mus musculus type 2 deiodinase mRNA, c emb Z95919 SSZ95919 Streptococcus sobrinus sodA gene emb Z95917 SSZ95917 Streptococcus salivarius sodA gene emb Z95921 STZ95921 Streptococcus thermophilus sodA gene emb AL035608.11 HS479J7 Human DNA sequence from clone 479J7 emb Z74046 CEZC116 Caenorhabditis elegans cosmid ZC116, com	749 0.0 749 0.0 335 5e-90 335 5e-90 38 1.8 38 1.8 38 1.8 38 1.8 38 1.8

## Annexe 2

## Α

## Distribution of 121 Blast Hits on the Query Sequence



Sequences producing significant alignments:	Score (bits) V	E alue
ref NM 000826.1 GRIA2  Homo sapiens glutamate receptor, ion  gb1AF164344.1 AF164344 Rattus norvegicus glutamate receptor  gb1M85035 RRTGLUR2A Rat glutamate receptor subunit 2 (GLUR2  gb1M32372 MUSGLURB17 Mus musculus AMPA receptor subunit (Gl  emb1Z29713 CLRGLUTR2 C.livia GluP-II mRNA for glutamate rec  emb1X57498 MMGLUR2 M.musculus mRNA for glutamate receptor 2  gb1M38061 RRTAMPASGB Rattus norvegicus glutamate receptor 2  gb1M38061 RRTAMPASGB Rattus norvegicus glutamate receptor (  emb1X54655 RNGLURK2 Eattus for vector pGlutamate receptor (  pb1U43957 XXU43956 Expression vector pB10T-MRz, complete cds  gb1U8786 SYNBLSKWV gb1U8784 XXU43954 Expression vector pB10T-MRz, complete cds  gb1U70311 CVU70311 Filamentous phage display expression clo  emb1X52324 RRBLSKM pB1U8747173 CSPAG13R gb1U43955 XXU43955 Expression vector pBEZ, complete cds  gb1U70311 CVU70311 Filamentous phage display expression clo  emb1X52324 RRBLSKM pB1U8SCKV pB1U8SCRIV pB1U8Crib SK Minus cloning vector.  BlueScribe SK Plus cloning vector.  BlueScribe SK Minus cloning vector.		/alue
emb AJ243486.1 CCA243486 Cyprinus carpio mRNA for uncouplin gb U24178 CVU24178 Cloning vector pKMZB containing zero-bac gb U14119 CVU14119 Cloning vector pSG929, HIS4-based plasmi emb Z29589 EVCOR116N Expression vector pCOR116aN (modified emb Y16359 CDY16359 Calonectris diomedea random amplified p emb AJ244005.1 LD0244005 Lepilemur dorsalis genomic fragmen	113 5e-23 109 8e-22 107 3e-21 107 3e-21 107 3e-21 107 3e-21	

### Annexe 2

## В

## C