

NOM

Prénom

**Contrôle Continu (CC) 2015/2016**  
**M1MABS: Harmonisation des Connaissances, partie Bioanalyse**  
**Durée d'examen : 2H (Indiquez vos réponses sur la feuille d'examen)**

**I) Recherche dans les banques:**

- 1) Combien de séquence protéique STE12 du champignon *Colletotrichum higginsianum* sont disponibles dans la base de données RefSeq du NCBI ?
- 2) Indiquez votre requête
- 3) On s'intéresse maintenant à la séquence KNG52032
  - a) A quel organisme appartient cette séquence ?
  - b) Quelle est la nature de cette séquence?
  - c) Quelle est la fonction de cette séquence ?
  - d) Schématisez l'architecture de cette séquence ?

**II) Alignement de séquences**

- 1) Soit les séquences Seq1 et Seq2. Quel type d'alignement pouvez-vous faire pour comparer ces 2 séquences ? Expliquez.

>SEQ1

```
CTCGAGTCTTGGCTCATTCTTCTTTCACTAGCCTGAACTGTTCTTTTGCCTTACTTCTTGTCTCATAACA  
TTCTGATACTGCGTATCAAGTCACCTCTCTAAAGAAACAAGCAACCAATCATCACCACCACCAACAAACCA  
GCAAACATCTCTGCCAAGATGGTCTTACCTCTTCGTGCTCGGCGCCCTGGCTTCTGTTGCCATCGCCT  
CCCCCGTCCCCGAGCTCAAGGCCCGCGCCAGCTGCACCTTCAACCGATGCTGCCTCTGCCATCAAGGGCAA  
GGCCAGCTGCACCACCATCGTCTCAACAATATTGCGGTCCCTGCCGGCACCACCCTCGACATGACCGGC  
CTCAAGTCTGGCAGTCAAGTAAATTTCTCTCTCTCAGTCTCATTATCTGTTCCCTAGAGACATCCAC  
CAACACACCCTTCAACAGGTCACTTCCAAGGCAAAACCACTTCGGCTACAAGGAGTGGGAGGGCCCCC  
TCATCTCCTTCTCCGGCTCCAACGTCTCATCGACGGCGCCTCCGGCCACTCCATCGACTGCCAGGGCTC  
CCGCTGGTGGGACTCCAAGGGCGGCAACGGCGGCAAGCAAGCCCAAGTTCTTCTACGCCACAGCCTC  
AAGACTCGACCATCAGGGGCTCCACACGCTCAACACCCCGTCCAGGCCTTCTCCATCAACGGCGCCG  
CCAACCTCGGCGTCTACGACGTCTCCGTGCAACAACCTCGGCGGCGACTCCGCGGCGGCCACAACCCGA  
CGCCTTCGACGTGGCTCCTCCACCGGCTTACATCTTGGCGCCGACGTCAAGAACCAGGACGACTGC  
CTCGCGTCAACTCGGGCACAATATTACCTTACCAGGCGGACCTGCTCCGGCGGCCACGGTCTTTCCA  
TCGGTCCGTTGGCGGCCGAAGGATAATGTCGTCAAGAGCGTCAGCATCACCACCTCCAAGATTATCAA  
CTCGGATAACGGCGTGCATCAAGACCGTGGCCGGCGCTACTGGTCCCGTTTCCGACATCACCTACTCG  
GGCATCACCTTCCCAACATCGCCAAGTACGGCATCGTATCGAACAGGACTACGAGAACGGTTCTCCCA  
CCGGCAAGCCACCTCCGGTGTCCCTATTTCGGCCTCACCTCAGCAAGATCAGCGGTTCCGTCTCCTC  
CTCCGCCACCCCGTTTACATCCTCTGCGCCTCCTGCACCAACTGGAAGTGGTCCGGCGTCAGCGTCACC  
GGCGCAAGAAGTCTCCAAGTGCACCGGTATCCCCAGCGGGAGCGGTGCTGCTTGTAAAGCGGCTGAGT  
CTTTACGCGGACTCGGGGTGAGCGCTCAATCTCTCACCTATATAGGTACACACACAACATACTGC  
GGACTTGGTTCGGTTCGACACACGGTCTCCGGGGTAGTTTCTCCCTTGAGGAGCACAAGACCCGCTCG  
GGAGTGAAGCTGGACTGCTTTCTTGTAAATTAATTGGGTCTGCTGAGGTGTCCTCCATCCCTCCCTG  
GGATGCAAAATATTCTGTATATATTCTTTACTCCCTCGTCTCCTTCTTCGACGAGGGTGGTGGAA  
CAAACATAGCTTGATCCAAATTGATGTGCTTTGGACGCAATTTTCGTGCCGTCTTTCCCGTGCCGGTAAT  
CTACAAGGAACCGTGGTCTG
```

>SEQ2

```
TCGGCGCCCTGGCTTCTGTTGCCATCGCCTCCCCCGTCCCCGAGCTCAAGGCCCGCGCCA  
GCTGCACCTTACCAGTATGCTGCCTCTGCCATCAAGGGCAAGGCCAGCTGCACCACCATCG  
TCCTCAACAATATTGCGGTCCCTGCCGGCACCACCCTCGACATGACCGGCTCAAGTCTG  
GCACTCACGTAAGTTTCTCT
```

- 2) Quelle(s) hypothèse(s) vous pouvez faire sur la nature de ces 2 séquences ?
- 3) À quoi correspond le pourcentage de similarité ?
- 4) La séquence seq1 est-elle codante ? Si oui, quelle est la fonction de la protéine associée ? Expliquez.

**III) Analyse d'une séquence protéique**

Récupérer la séquence CAA65843.1.

- 1) Représentez l'architecture de cette séquence ?

NOM

Prénom

2) A quoi correspond le lien croisé 'db\_xref="InterPro:IPR000177' ?

3) Les données sur cette séquences ont –elles été validées par un annotateur expert ? Justifiez votre réponse

### V) Analyse de séquence

La séquence ci-dessous est-elle codante ? Expliquez votre démarche et indiquez la fonction de la protéine déduite.

>SeqInconnue

```
CGACGCATCAGATCAAGTTCCTCCTTACTCCACCCTAGAGTTTCTCAAGACAATGATTGC
TCGCATTACCGTAGTCTTCGCTGGTCTCGTAGCTGTCGTCTCTGGTGCCTGCTCGACTCC
CTCATTGGCAACTGTGGCTCTGATGCTGCCGGCGTGAGCTGCTGCCAGAGCACGCAGTA
CTGCCAACCTTGGAACGCCAACTACTACCAGTGCCTCGATCTCCCTGCTAAAATGCGCTCA
GCAGTTCGCGAACGTCGACTTCAATGGAGACGACATCCAGACCATCTACGGCATTTCAGCC
CGGAGAAATGCTGCACGCGCTGCAGCGAGACTGCTGGTTGCAAGGCCACACCTTCGTGAA
CAGCAATCCGGGCCAACCGGCGTGCTACCTGAAGAGCGGCACTGGTACAGGACGCCCTC
GGTTGGAGCAGTCTCGGGCATCTTGACGGGAACGTCAACAACCCGACGCCGACCCCAAC
AATGACGCCAACGCCAACGCCGACGACATCATCGCCAACCTGCACCACGGCACCGTATGG
CTCCTGTGGCTCCAGTAACGGAGCTACGTGCTGCCCGAGCGGCTACTACTGCCAACCATG
GAACGACAGTTTTTACCAGTGCATCCAGCCGCCAGCGAAATGCTCGAAACAACCTACCGA
CAAGGACTACTACGGCAACGACATTAAGACCGTCTACGTGAGCCTCCCGTCGCTTTGCTG
TGATGCCTGTGCTAGCACGGCAGGATGCAAGGCGTACACGTACATCAACAACAACCCGG
TCAGCCTGTGTGCTACTTGAAGAGCGCTGCGGGAACCTGCCACCACCAAGATCGGTGCTGT
GTCGGGGACTCTCAACTAAGTTGAGACAGAAAGCAAACAGCTTGTAGTTTCCAATCTAAC
GCAAGCTCACGGTTGCCAT
```