

المدرسة الوطنية العليا في البيوتكنولوجيا توفيق عزلدار

Sous direction chargée de la formation doctorale , recherche scientifique , développement technologique , l'innovation et l'entrepreneuriat (FDRSDTIE)

Concours Doctorat 3ème cycle - 24 Février 2022

Domaine SNV

Filière Biotechnologie

Matière: Bioinformatique; Coef. = 1

Durée: 1h30min

Sujet n° 02

Exercice 1: (6 points)

- Quels sont les deux résidus aminoacides briseurs des chaines secondaires Alpha et Beta ?
- 2. Citer deux méthodes de prédiction des structures protéiques 31
- 3. Soit le code Python suivant :

importSrAHLA MAHLA
def Unknown_Function(param1, param2):
 if re.search(param1, param2) != None:
 return True
else:

return False

if __name__ == '__main__':
 S1 = "C.H.[LIVMFY]C(.){2}C[LIVMYA]"
 S2 = "LECPICLELIKEPVSTKCDHIFCKFCMLKLLNQKKGPSQCPLCKN"
 Result = Unknown_Function(S1, S2)
 if Result == True:
 print("La signature existe!")
 else:
 print("La signature n'existe pas!")

- a. Que fait la fonction Unknown_Function?
- b. Donner le résultat affiché après exécution de ce code.

Exercice 2: (7 points)

Soit la table suivante construite pour aligner les deux séquences nucléiques suivantes :

S1= CGAGT et S2= CGCTACT.

| | - | C | G | A | G | 4 |
|---|----|-----|----|----|----|----|
| | 0 | 7-1 | -2 | -3 | -4 | -5 |
| C | -1 | 1 | 0 | -1 | -2 | -3 |
| G | -2 | 0 | 2 | 1 | 0 | -1 |
| Q | -3 | -1 | 1 | 2 | 1 | 0 |
| T | -4 | -2 | 0 | 1 | 2 | - |
| A | -5 | -3 | -1 | 1 | 4 | 2 |
| C | -6 | -4 | -2 | 0 | - | 2 |
| T | -7 | -5 | -3 | -1 | 0 | 2 |

- 1. Quel est l'algorithme utilisé pour cet alignement ?
- 2. Quelle est la valeur associée à l'identité dans cette matrice ?
- 3. Quelle est la valeur associée à la substitution (mismatch) ?
- 4. Quelle est la valeur associée au gap (InDel) ?
- 5. Donner l'alignement de ces deux séquences.
- 6. Calculez-en le score.
- 7. Quel est le pourcentage d'identité de ces deux séquences ?

Exercice 3: (7 points)

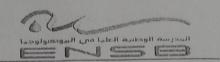
Soit l'alignement multiple de la protéine SPIKE de cinq souches virales.

| | 11 | 112 | G3 - | 124 | Plan | 69 | 172 | POR | 10 | 10 | 77 | 13 |
|----------|----|-----|------|-----|------|----|-----|-------|-----|----|-----|----|
| Souche 1 | Q | · | 0 | | T | Δ | V | T | M | 10 | 44 | 12 |
| Souche 2 | Q | | 0 | | T | Δ | · V | 14/ | 1 | 2 | *** | V |
| Souche 3 | 0 | | 0 | | T | Δ | V | T | [V] | 5 | *** | V |
| Souche 4 | H | 1 | V | | V | Δ | · | D | M | 5 | *** | V |
| Souche 5 | Н | | 1 V | | 1/ | ^ | V | P 101 | 100 | 5 | *** | I |
| | | 1 | V | *** | V | A | Y | W | M | S | | I |

- 1. Donner le nom des acides aminés représentés par les codes à une lettre : Q et Y.
- 2. Proposer, dans la première colonne de cet alignement multiple, un résidu aminoacide à la place de H de la souche n°04 pour que la substitution reste sans effet sur l'activité de la protéique de cette souche.
- 3. Dans la position n°12 de cet alignement, proposer un résidu aminoacide qui peut à la fois substituer V et I sans affecter l'activité.
- 4. Parmi les deux résidus E (acide aminé acide) et F (acide aminé aromatique et hydrophobe), lequel peut en position n°9 affecter considérablement l'activité de la protéine SPIKE en cas de mutation par substitution dans cette position ?
- 5. Considérant la position n°08 de cet alignement, proposer l'arbre le plus parcimonieux pour classer les cinq souches virales.

République Algérienne Démocratique et Populaire وزارة التعليم العالي و البحث العلمي Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

ECOLE NATIONALE SUPERIEURE DE BIOTECHENOLOGIE DE CONSTANTINE Taoufik Khaznadar



المدرسة الوطنية العليا في البيوتكنولوجيا بقسنطينة

Sous direction chargée de la formation doctorale, recherche scientifique, développement technologique, l'innovation et l'entrepreneuriat (FDRSDTIF)

> Concours Doctorat 3ème cycle Domaine SNV Filière Biotechnologie

Spécialité: Biotechnologie santé

Matière: coef 3 Durée: 2 heures

Sujet n° 3

Exercice 1:

de Duchenne, musculaire Duchenne, ou dystrophie La myopathie de une maladie génétique provoquant une dégénérescence progressive de l'ensemble des muscles de l'organisme. Elle est liée à une anomalie du gène DMD, responsable de la production d'une protéine impliquée dans le soutien de la fibre musculaire

Le gène DMD est situé sur le chromosome X codant une protéine appelée dystrophine. DMD, est le plus long gène chez l'humain. Il est porté par le chromosome X et fait 2 300 kb.

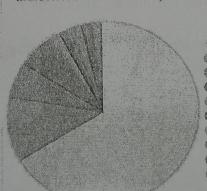
Partie 1:

- 1. Citez 4 avantages liés à l'utilisation de la thérapie génique par rapport à l'utilisation des protéines thérapeutiques ?
- 1/2. Quelle stratégie thérapeutique génique potentielle proposez-vous pour traiter la myopathie de Duchenne en considérant la taille importante du gène DMD ? Justifiez votre choix (molécule thérapeutique, vecteur, mode d'administration)

Partie 2:

D'après la figure ci-contre, le cancer représente à lui seul plus des deux tiers des essais cliniques en thérapie génique. chell colors los Discutez cette répartition.

Indications Addressed by Gene Therapy Clinical Trials



- Cancer diseases 66.6% (n=1951)
- Monogenic diseases 11.5% (n=338)
- Infectious diseases 6.3% (n=184)
- Cardiovascular diseases 6.2% (n=183)
- Meurological diseases 1.8% (n=52)
- Ocular diseases 1.3% (n=37)
- (n=15)
- Other diseases 2.2% (n=63)
- @ Gene marking 1.7% (n=50)
- Healthy volunteers 1.9% (n=57)



Exercice 2:

Choisissez la bonne réponse :

- 1. Dans la construction d'un hybridome, le polyéthylène glycol est ajouté pour :
 - Ma. Se lier aux lipides membranaires et diminuer les charges négatives de la surface
 - b. Fusionner les deux cellules
 - c. Rendre la cellule perméable
 - /d. Les deux A et B
- 2. L'insuline recombinante est produite chez E.coli, mais elle présente certaines différences par rapport à la protéine humaine :
 - a. Cette différence ne pose aucun risque pour l'homme.
 - Vb. Cette différence est corrigée par d'autres techniques
 - c. Afin d'éviter ce problème, l'insuline est désormais produite dans des cellules de mammifères
- 3. La formation des ponts disulfures ne se fait pas chez les procaryotes, car cela nécessite :
 - a. Un compartiment réducteur
 - ∠b. Un compartiment oxydant
 - Ac. Un réticulum endoplasmique
- 4. Laquelle des affirmations suivantes est incorrecte concernant le milieu HAT
 - a. Le milieu HAT est un milieu sélectif
 - b. L'aminoptérine dans le milieu HAT bloque la voie de novo de la synthèse des nucléotides
 - Mc. La voie de sauvetage nécessite de l'aminoptérine et de la thymidine
 - /d. L'hypoxanthine est convertie en guanine par l'enzyme HGPRT
- 5. Les hybridomes sont fabriqués par la :
 - a. Fusion des lymphocytes T avec des cellules de myélome
 - b. Fusion des lymphocytes B avec des cellules de myélome
 - c. Fusion des lymphocytes T auxiliaires avec des cellules de myélome
 - d. Fusion des lymphocytes B mémoire avec des cellules de myélome

Exercice 3:

Répondez aux questions suivantes :

- 1. Quelle est la différence entre une cellule souche, un lymphocyte B et un plasmocyte en terme de gènes codant les anticorps ?
- 2. Dans la technologie du phage display, plusieurs cycles sont effectués en changeant les conditions. Expliquer ?
- 3. Le milieu HAT est utilisé comme milieu de sélection pour les hybridomes, quelle est la composition est le rôle de chaque élément formant ce milieu.

République Algérienne Démocratique et Populaire وزارة التعليم العسالي والبحسث العسمي Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie TaoufikKhaznadar



فمي البيوتكنولوجيا توفيق خزندار

Sous direction chargée de la formation doctorale, recherche scientifique, développement technologique, l'innovation et l'entrepreneuriat (FDRSDTIE)

> Concours Doctorat 3ème cycle Domaine SNV Filière Biotechnologie

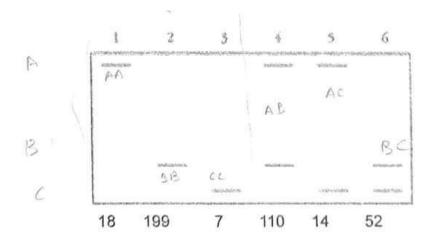
Spécialité: Biotechnologie végétale

Matière: coef 3 Durée: 2h

Sujet 3

Exercice 1

المصدر الأول لمذكرات التخرج في الجزائر Un échantillon représentatif de plantes a été prélevé d'une large population naturelle d'une espèce donnée. Les plantes échantillonnées ont été analysées en utilisant des marqueurs moléculaires de type RAPD, AFLP et SSR. Le profil électrophorétique de l'un des marqueurs ainsi que les effectifs obtenus sont représentés sur la figure cidessous.



Donnez une explication génétique aux résultats obtenus.

6 januaryon 18 all con

- 2. A quel type de marqueur correspond les résultats montrés ici? Justifiez votre réponse.
- 3. Testez si cette population est en équilibre de Hardy-Weinberg

Exercice 2

On cherche à obtenir de grosses tomates dont la vitesse de maturation est compatible avec une distribution commerciale : la maturation doit se réaliser de manière ralentie, afin d'augmenter la durée de conservation du fruit.

Les gènes impliqués dans ces caractéristiques sont :

- un gène qui détermine la taille du fruit ; il existe sous deux formes d'allèles
 (p = gros fruits ; p+ = petits fruits) ;
- un gène qui contrôle la maturation ; il existe sous deux formes d'allèles
 (M0 = pas de maturation ; Mn = maturation normale).

Parent 1
[Plantes à petits fruits, pas de maturation]
p+p+ M0M0

F1
[Plantes à petits fruits, maturation ralentie]

Parent 2
[Plantes à gros fruits, maturation normale]
ppMnMn

[Plantes à petits fruits, maturation ralentie]

x

[Plantes à petits fruits, maturation ralentie]

ppMnMn

On obtient en back-cross 1 (BC1), les résultats suivants :

241 plantes [petits fruits, maturation ralentie]

258 plantes [petits fruits, maturation normale]

249 plantes [gros fruits, maturation normale]

243 plantes [gros fruits, maturation ralentie]

Répondez aux questions suivantes :

- Dans ces croisements combien de gènes et d'allèles interviennent-ils ?
- 2. Quel est le génotype des plantes F1 ?
- 3. A votre avis, quel serait l'intérêt du rétrocroisement avec le parent 2 ?
- 4. Quel est le mode d'action intragénique pour le gène qui contrôle la taille de fruit et celui de la maturation ?
- 5. Donnez le pourcentage de tomates aux qualités génétiques recherchées à l'issue des croisements ?
- 6. Quel est la contribution (%) du fond génétique de chacun des deux parents dans la génération BC1 ? (F)
- 7. Les deux gènes (taille de fruit et maturation) sont-ils liées ou indépendants? justifiez votre réponse. in de moderni
- Donnez les génotypes possibles des phénotypes des plantes BC1.
- 9. Si les plantes F1 auraient été autofécondées, qu'en seraient ils des nouveaux phénotypes qui apparaissent en comparaison avec BC1?

*◘ ا*لمصدر الأول لمذكرات التخرج في الجزائر

PIPMOMN

Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie Taoufik KHAZNADAR



المدرسة الوطنية الصليا في البيوتكنولسوجيا توفيئ كرنسدار

Sous direction chargée de la formation doctorale, recherche scientifique, développement technologique, l'innovation et l'entrepreneurlat (FDRSDTIE)

Concours Doctorat 3ème cycle – 06 Mars 2021

Domaine SNV

Filière Biotechnologie

Matière: Bioinformatique; Coef. = 1

Durée: 1h30min

Sujet n° 03

Exercice 1: (6 points)

- Quel type de blast utilise-t-on pour comparer une séquence protéique contre les séquences nucléiques d'une base de données ?
- 2. Citer deux bases de données interrogées par le moteur de recherche InterPro ?
- 3. Soit la fonction python suivante :

المصدر الأول لمذكرات التخرج في الجزائر

def Unknown Function (paraml) :

H = ExPASy.get prosite raw(param1)

R = Prosite.read(H)

return R

Que fait la fonction Unknown_Function?

Exercice 2: (7 points)

Le tableau ci-dessous récapitule les résultats de trois méthodes de prédiction de structure secondaire appliquées sur un peptide :

| Séquence | S | M | ٧ | ٧ | S | G | L | T | P | E | E | F | M | L | ٧ | γ | K | F | A | R |
|---|---|---|---|---|-----|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Méthode Chou et Fasman | • | | - | - | - | | - | - | - | Н | Н | Н | Н | Н | Н | Н | н | Н | Н | Н |
| Méthode GOR4 | - | | - | - | 1:: | - | - | - | - | Н | Н | Н | Н | Н | Н | E | E | E | E | - |
| Méthode HNN | - | E | E | E | - | - | - | - | Н | Н | Н | Н | Н | Н | Н | Н | Н | Н | - | |
| Structure 2D observée expérimentalement | Е | E | Е | E | Е | E | - | * | Н | Н | Н | Н | Н | Н | н | Н | Н | н | н | н |

- 1. Quelle est la taille de ce peptide ?
- 2. Quels sont les acides aminés chargés (polaires) de ce peptide ?
- 3. Quelles sont les structures 2D prédites par ces trois méthodes ?
- 4. Calculer pour chaque méthode le Qk correspondant.
- 5. En fonction du résultat des Q_k calculés, quelle est la meilleure méthode de prédiction 2D de ce peptide ?
- Peut-on généraliser cette approche de prédiction pour toutes les classes de protéines ? Justifier.

Exercice 3: (7 points)

La table d'alignement de deux séquences nucléotidiques est réalisée avec mismatch = -1 et gap = -2

| | | | | _ | _ | | | | | | | • | |
|---------|---|----|---|---|----|-----|----|---|------|---|----|---|----------|
| | | - | Α | | G | Α | T | G | Т | Α | G | | • |
| | - | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | | * |
| | G | 0 | Ò | Q | 2 | 0 | 0 | 2 | -0 | B | D | - | Q, |
| | Α | 0 | 2 | 0 | 16 | 4- | 2= | ő | Ţ.Ô. | 2 | 0 | | X |
| | G | 0 | Ó | 1 | 2 | 2 | 3 | 4 | 2 | 0 | 4 | | |
| SAI | Α | 0 | 2 | 0 | 0 | (4) | 2 | 2 | 2 | 4 | 2 | | |
| ي الجزا | Ţ | 0- | 0 | 4 | 2 | 2 | 6 | 4 | 4 | 2 | 3 | | X |
| ٠, ر | G | 0 | 0 | 2 | 6 | 4 | 4 | 8 | 6 | 4 | 4 | | |
| | Т | 0 | 0 | 2 | 4 | 4 | 6 | 6 | (10) | 8 | 6 | | Y |
| * | G | 0 | 0 | 0 | 4 | 3 | 4 | 8 | 8 | 9 | 10 | | I |
| | С | 0 | 0 | 0 | 2 | 3 | 1 | 6 | 7 | 7 | 8 | | |

- Quel algorithme a été utilisé pour cet alignement ?
- 2. De quel type d'alignement s'agit-il?
- 3. Quel est le score attribué à l'identité (match) ?
- 4. Donner un alignement optimal ainsi que son score.
- Considérant les deux sous-séquences : ATGA et GAGA ; on obtient l'alignement suivant :

-ATGA

GAG-A

- a. Quel est le type de mutation observé entre les résidus T et G?
- b. Calculer le score de cet alignement.

République Algérienne Démocratique et Populaire وزارة التعليسم العسالي والبحسث العلسمي Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie TaoufikKhaznadar



لمدرسة الوطنية العلي في البيوتكنولوجيا توفيق خزندار

Sous direction chargée de la formation doctorale, recherche scientifique, développement technologique, l'innovation et l'entrepreneuriat (FDRSDTIE)

Concours Doctorat 3ème cycle
Domaine SNV

Filière Biotechnologie

Spécialité : Biotechnologie végétale

Matière : coef 3 Durée : 2h

Sujet n° 2

Questions (10 pts.)

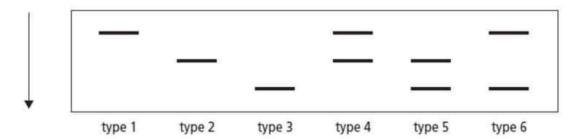
- 1- Définissez les termes suivants : Dérive génétique, individus apparentés, individu consanguin, identité par descendance, coefficient de consanguinité. المصدر اللول المصدر ال
- 2- Expliquez la différence entre hétérosis meilleur parent et hétérosis parent moyen.
 - Lequel est qualifié d'hétérosis au sens du sélectionneur ? Pourquoi ?
- 3- Complétez le tableau ci-dessous concernant les populations couramment utilisées pour la cartographie génétique chez les plantes.

| | F1 | Backross1 | Doubles haploïdes | Lignées recombinantes (RILs-F8) |
|--|----|-----------|----------------------|------------------------------------|
| Individus homozygotes ou hétérozygotes | | | | |
| Immortelle ou dégénérescente | | | | |
| Utilisée pour les autogames ou les allogames | | | | |

- 4- Le rendement du blé est un caractère qui figure pratiquement toujours parmi les objectifs d'amélioration de cette culture.
- De quel type est ce caractère ?
- Quels sont les facteurs qui induisent ce type de caractère ?
- Quelles seraient les composantes de variation de ce caractère au sein d'une population F₃?

Exercice (10 pts.)

La figure ci-dessous représente les différents types (variantes) du profil éléctrophorétique d'un marqueur M dans une population.



L'analyse d'un échantillon de 500 individus de cette population avec ce marqueur a fourni les résultats représentés sur le tableau ci-dessous.

| 1. | Quel est le nombre d'allèles détectés par ce marqueur dans la population | Génotype | Nombre |
|----|--|----------|-------------|
| | étudiée ? | | d'individus |
| 2. | Tracez le tableau des génotypes en utilisant des codes alphabétiques pour ces | Type 1 | 175 |
| | allèles. | Type 2 | 47 |
| 3. | Calculez les fréquences génotypiques et alléliques. | Туре 3 | 3 |
| 4. | Parmi les types suivants : RAPD, AFLP, SSR, quel serait (ou seraient) celui | Type 4 | 185 |
| | du marqueur M ? Justifiez votre choix. | Type 5 | 35 |
| 5. | Parmi ces marqueurs, lesquels sont basés sur le polymorphisme de séquence | Type 6 | 55 |
| | et lesquels sont basés sur le polymorphisme de nombre d'unités de | | |
| | NOTE MANAGEMENT DESCRIPTION AND THE SECOND STATE OF THE SECOND STA | | |

- 6. Que signifie SNP?
- Citez une technique de génotypage individuel et une autre de génotypage à haut débit (high throughput) des SNPs.
- 8. Peut-on dire que cette population est en équilibre de Hardy-Weinberg ? Justifiez

répétition ? Où classez-vous un marqueur de type SNP parmi ces deux groupes ?

Table de X2

| ddla | 0,995 | 0,99 | 0,975 | 0,95 | 0,9 | 0,5 | 0,1 | 0,05 | 0,025 | 0,01 | 0,005 |
|------|-------|------|-------|------|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0,02 | 0,45 | 2,71 | 3,84 | 5,02 | 6,63 | 7,88 |
| 2 | 0,01 | 0,02 | 0,05 | 0,1 | 0,21 | 1,39 | 4,61 | 5,99 | 7,38 | 9,21 | 10,6 |
| 3 | 0,07 | 0,11 | 0,22 | 0,35 | 0,58 | 2,37 | 6,25 | 7,81 | 9,35 | 11,34 | 12,84 |
| 4 | 0,21 | 0,3 | 0,48 | 0,71 | 1,06 | 3,36 | 7,78 | 9,94 | 11,14 | 13,28 | 14,86 |
| 5 | 0,41 | 0,55 | 0,83 | 1,15 | 1,61 | 4,35 | 9,24 | 11,07 | 12,83 | 15,09 | 16,75 |
| 6 | 0,68 | 0,87 | 1,24 | 1,64 | 2,2 | 5,35 | 10,65 | 12,59 | 14,45 | 16,81 | 18,55 |
| 7 | 0,99 | 1,24 | 1,69 | 2,17 | 2,83 | 6,35 | 12,02 | 14,07 | 16,01 | 18,48 | 20,28 |
| 8 | 1,34 | 1,65 | 2,18 | 2,73 | 3,49 | 7,34 | 13,36 | 15,51 | 17,53 | 20,09 | 21,96 |
| 9 | 1,73 | 2,09 | 2,7 | 3,33 | 4,17 | 8,34 | 14,68 | 16,92 | 19,02 | 21,67 | 23,59 |
| 10 | 2,16 | 2,56 | 3,25 | 3,94 | 4,87 | 9,34 | 15,99 | 18,31 | 20,48 | 23,21 | 25,19 |

Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie Tanofile KHAZNADAR



المدرسة الوطنية العليا في البيوتكنولوجينا الوقيس فاراستار

Sout direction chargée de la formation docturale, recherche scientifique, développement technologique, l'innovation et l'entrepreneurlat (FORSOTIE)

Concours Doctorat 3ème cycle – 26 Octobre 2019

Domaine SNV

Filière Biotechnologie

Matière : Bioinformatique ; Coef. = 1

Durée: 1h30min

Sujet n° 02

Exercice 1: (6 points)

- Quel est le type de données qui permet la construction des matrices BLOSUM?
- 2. Quel programme BLAST utilise-t-on pour analyser une séquence ADN 1857
- 3. Quel est le principe fondamental de la méthode du maximum de parcimonie ?
- Donner le nom de la méthode du module « Entrez » (Biopython) qui permet de faire une recherche de séquences sur NCBI.

Exercice 47 points MAHLA

La séquence d'un gène isolé d'une céréale a été obtenue à partir de la banque de données Genbank. Elle est présentée sous forme d'une entrée et contient les informations suivantes :

Lucus

AF005087 755bp mRNA PLN 26-JUL-2016

FEATURES

Source 1.755

Forganism= Triticum aestisues"

/ "veultivar=Atlanfo"

CDS

<1.668

/coden start=3

"product*peroxidase"

ORIGIN

1 decomposes agreegador digagacces desaggita estidadas diagrantes for tigacetes decades desaggita topopodes topocodes esacciones 121 dacaciques periodicis decades desaggita topopodes topocodes esaccidides 121 dacaciques decidentes decades desaggita topocodes decidentes decid

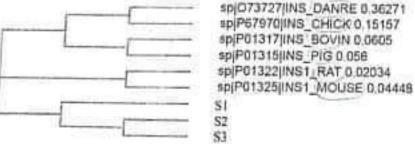
- En plus de la banque de séquences Genbank, quelles sont les deux autres principales banques nucléiques ?
- En première ligne de cette entrée (Locus), on trouve l'indication PLN. Que signifie cette abréviation ?
- 3. Quelle est la taille (en paires de bases) de la séquence qui code la protéine ?
- 4. À partir de quel organisme ce gène a-t-il été isolé ?
- 5. Quel est le codon stop de cette séquence ?
- Que signie le symbole 'c' dans le champ CD5 ?

Exercice 3: (7 points)

Un arbre phylogénétique de neuf taxons a été obtenu à partir d'un alignement multiple. Les

résultats sont les suivants :

| ************************************** | HAVALGAGAL LULLVVSSVS. TIPGTPONLCGSHLVDALYLVCGPTGFFYTEKROVEPILL HALHINSEPLLALLVFSGPGTSYAAAROMLCGSHLVEALYLVCGFRGFFYTEKROVEPILL HALHINSEPLLALLAUTPEPRAGAFVRONLCGPHLVEALYLVCGFRGFFYTEKSRHEVEG HALLVHFEPLLALLAUTPEPRAGAFVRONLCGPHLVEALYLVCGFRGFFYTEKARHEVEG HALHTHERPLEAELALINFPPRAGAFVRONLCGBHLVEALYLVCGFRGFFYTEKARHEVEG HALHTHELPILAELALINFPPRAGAFVRONLCGBHLVEALYLVCGERGFFYTEKARHEVEG HALHTHELPILAELALINFPPRAGAFVRONLCGBHLVEALYLVCGERGFFYTEKARHEVEE HALIFINLEPLLAELALINFPPRAGAFVRONLCGBHLVEALYLVCGERGFFYTEKARHEVEE HALIFINLEPLLAELALINFPPRAGAFVRONLCGBHLVEALYLVCGERGFFYTEKARHEAED HALIFINLEPLLALLALINGPOPASAFVRONLCGBHLVEALYLVCGFRGFFYTEKARHEAED | 19 58 50 60 60 60 60 60 60 |
|--|--|--|
| Sp[073727] INS_DANNE Sp[P67970] INS_CHICK Sp[P61322] INS_FAT Sp[P61322] INS_FEOSE 1p[P61317] INS_BOURN Sp[P61317] INS_BOURN Sp[P61311] INS_RABET Sp[P61300] INS_FANTA Sp[P30410] INS_FANTA | CFLP-PESAGETEVADITAF KOMAELINKRGIVEQCEN #FESIFELQMENI 100 PLVSSPLR-GEAGVLFFQGEEVEKVKRGIVEQCENHITESLYQLF KYCU 100 PQVPQLELGGJPAGELQFIALIVANDURDIVEQCETSITESLYQLFINVE 110 PQVEQUELGGJPAGELQFIALIVANDURDIVEQCETSITESLYQLFINVE 108 PQVCALELAGOPOAGGI | |
| | spi073727 INS_DANRE 0.36271 spiP67970 INS_CHICK 0.16167 spiP01317 INS_BOVIN 0.0605 | |



- A quoi correspondent les séquences 51, 52 et 53 mentionnées sur l'arbre phylogénétique?
- A quelle base de données appartiennent les séquences utilisées cet alignement multiple?
- 3. Donner la signification des symboles (* et :) utilisées dans cet alignement.
- 4. L'arbre obtenu est-il raciné ? Justifier.