

NOM :

GBIO0009_1

PRÉNOM :

EXAMEN 19 JANVIER 2010

GROUPE :

Page 1 /5

Entourez votre réponse. Il n'y a qu'une seule possibilité!

1. Quelles sont les utilisations courantes des microsatellites?
 - a. QTL ou la cartographie de gènes ("gene mapping")
 - b. Estimation de la diversité génétique
 - c. Les études de parentés
 - d. L'évaluation de la structure de la population

2. Quelle affirmation est vraie? Les méthodes d'association structurée comptent sur
 - a. l'information d'un grand nombre de loci liés
 - b. l'identification d'un nombre connu de clusters
 - c. un test d'association qui est conditionnel à l'affectation de la sous-population
 - d. l'inclusion des effets de la structure de la population comme covariables dans un modèle de régression

3. Soit N le nombre de fois qu'un nucléotide T apparaît dans une séquence d'AND de taille 100, sachant que la probabilité d'observer un T est de 0.25, les nombres attendus $E[N]$ et $Var[N]$ sont donnés par
 - a. $E[N] : 25; Var[N] : 300/16$ (twice same answer)
 - b. $E[N] : 250; Var[N] : 100/4$
 - c. $E[N] : 25; Var[N] : 300/16$
 - d. $E[N] : 25; Var[N] : 100/16$

4. Les études de réplication
 - a. doivent être de taille limitée pour montrer des effets
 - b. doivent être effectuées sur des ensembles de données indépendants
 - c. doivent être effectuée dans une population différente que dans l'étude initiale
 - d. doivent impliquer un phénotype différent mais connexe

5. La variable aléatoire dans la statistique de FBAT est
 - a. X: le score marqueur
 - b. S: la statistique suffisante
 - c. P: le genotype parent
 - d. Y: le phenotype du proband

6. Un gene montrant de la codominance
 - a. a ses deux allèles exprimés indépendamment chez l'hétérozygote
 - b. a un allèle dominant l'autre
 - c. a les allèles fortement liés sur le même chromosome
 - d. a les allèles récessifs l'un à l'autre

7. La définition la plus compréhensible de la bioinformatique est
 - a. Développement ou application d'outils et approches informatiques pour acquérir, stocker, organiser, analyser ou visualiser des données de nature biologique.
 - b. Développement ou application de données analytiques, méthodes théoriques et simulations informatiques pour l'étude des systèmes biologiques.
 - c. Développement ou application d'outils et approches informatiques pour accroître l'utilisation de données biologiques, médicales, comportementales ou de santé, incluant l'acquisition, le stockage, l'organisation, l'analyse ou la visualisation de ces données.
 - d. Le domaine de la science mêlant biologie, informatique et technologie dans une même discipline.

8. Une duplication est
 - a. un échange entre des chromosomes non homologues, résultant en des chromosomes avec de nouveaux gènes adjacents les uns aux autres
 - b. une copie supplémentaire des gènes sur une partie d'un chromosome
 - c. un inversion de l'ordre des gènes sur un chromosome
 - d. un ensemble supplémentaire de chromosomes dans un organisme

9. L'analyse RFLP est une technique qui
 - a. utilise l'hybridation pour détecter des fragments de restriction d'ADN spécifiques dans l'ADN génomique
 - b. est utilisée pour déterminer si un gène est transcrit dans des cellules spécifiques
 - c. est utilisée pour détecter une variation génétique au niveau de la protéine
 - d. est utilisée pour amplifier des gènes pour la production des produits utiles

10. Un croisement entre deux lignes reproductrices, une avec des fleurs rouges foncées et une avec des fleurs blanches claires, a une progéniture F1 rouge claire. A cross between two true breeding lines one with dark red flowers and one with bright white flowers produces F1 offspring that are light red. Quand la descendance de F1 est auto-fécondée, un rapport 1:2:1 de fleurs rouges foncées/rouges claires/blanches est observé. Quel phénomène génétique est cohérent avec ces résultats?
- Épistasie
 - Dominance incomplète
 - Codominance
 - Accouplement aléatoire
11. L'ADN ligase est
- une enzyme impliquée dans la synthèse des protéines
 - une enzyme d'origine bactérienne qui découpe l'ADN à des séquences des bases définies
 - une enzyme qui joint les fragments dans la réplication d'ADN normal ????
 - une enzyme qui facilite la transcription de gènes spécifiques
12. Pour les études d'association génome entier,
- le succès dépend largement sur la volonté de participation des individus
 - il n'est pas nécessaire de faire les vérifications de Hardy-Weinberg
 - malgré les centaines de millions de dollars dépensés sur ces études, la plupart de la variance génétique dans le risque des maladies les plus fréquentes restent à découvrir
 - les modèles basés sur les familles sont moins chers que ceux basés sur la population
13. Les SNPs sont plus susceptibles de se répliquer s'ils
- montrent une signicativité statistique faible
 - ont des fréquences d'allèle mineur ("minor allele frequencies") modestes
 - sont liés à une maladie courante
 - montrent une taille de l'effet ("effect size") génétique modeste à fort
14. Quelle affirmation est fausse? Le contrôle génomique est
- un moyen de travailler avec la stratification de la population dans des études d'association qui utilisent des tests statistiques d'association basés sur les familles
 - une technique de correction qui requiert un grand nombre de marqueurs nuls fortement espacés, typés chez tous les individus
 - un moyen de travailler avec la stratification de la population dans les études d'association génétiques basées sur la population
 - une technique de correction des associations erronées

15. L'information suivante peut être potentiellement extraite des SNPs

1. Des génotypes multi-locus
2. Des fréquences alléliques
3. Un déséquilibre de liaison entre des marqueurs
4. Toutes les réponses précédentes

16. FASTA est

- a. est rapide comparé à un alignement local n'utilisant que la programmation dynamique
- b. est spécifique à l'identification de longues régions de faible similarité
- c. donne un nombre réduit de résultats lorsqu'un pré-filtrage de correspondances k-word implique de longs mots
- d. toutes les réponses précédentes

17. Supposons les règles de score de +1 pour un match, -1 pour un mismatch et -2 pour un indel. Alors le score maximum pour aligner ATC et TCA globalement est de

- a. 0
- b. -1
- c. -2
- d. -3

18. Une séquence est appelée chaîne de Markov de premier ordre si

- a. seulement les voisins précédents influencent la distribution de probabilité du caractère à toute position
- b. seulement le premier voisin précédent influence la distribution de probabilité du caractère à toute position
- c. seulement le premier voisin suivant influence la distribution de probabilité du caractère à toute position
- d. Aucune des réponses précédentes

19. Laquelle de ces affirmations sur le code génétique est vraie.

- a. inclut 61 codons pour les acides aminés et 3 codons stop
- b. presque universel ; exactement le même pour la plupart des systèmes génétiques
- c. trois bases par codon
- d. certains acides aminés sont codés par des codons multiples
- e. toutes les réponses précédentes

NOM :

GBIO0009_1

PRÉNOM :

EXAMEN 15 JANVIER 2010

GROUPE :

Page 5 /5

20. Laquelle de ces affirmations est vraie?

- a. La biologie des systèmes et la biologie moléculaire peuvent répondre à la même question par des moyens différents
- b. La biologie moléculaire est le domaine de la science concerné par l'étude des structures et processus chimiques des phénomènes biologiques impliquant les unités de base de la vie.
- c. La biologie des systèmes implique l'étude des systèmes biologiques qui considèrent les interactions entre les éléments clefs comme les protéines et les cellules. L'intégration de cette information peut se faire en utilisant des outils informatiques.
- d. Toutes les réponses précédentes