

EM7BMGD2E2 « Harmonisation des Connaissances-Bioanalyse »
Contrôle Continu 1

Exercice 1 : Indiquez sur votre copie les affirmations VRAIES

1. NCBI est un centre de ressources de données biologiques
2. Une séquence au format fasta commence par le signe <
3. Des séquences orthologues ne sont pas homologues
4. GenPept est une banque de connaissance
5. Pfam est une banque protéique

Exercice 2 :

Répondez aux questions suivantes :

1. De quelle banque provient cette fiche ?
2. De quel type de séquence s'agit-il ?
3. A quoi correspond le nombre P32485 ?
4. A quoi correspond le terme « db_xref » ?

LOCUS	CAA97680	435 aa	linear
DEFINITION	HOG1		
ACCESSION	CAA97680		
VERSION	CAA97680.1 GI:1360508		
DBSOURCE	embl accession Z73285.1		
SOURCE	Saccharomyces cerevisiae (baker's yeast)		
FEATURES	Location/Qualifiers		
source	1..435 /organism=" Saccharomyces cerevisiae " /db_xref="taxon: 4932 " /chromosome="XII"		
Protein	1..435 /name="HOG1"		
sig_peptide	1..10		
Region	12..339 /region_name="STKc_Sty1_Hog1" /note="Catalytic domain of the Serine/Threonine Kinases, Fungal Mitogen-Activated Protein Kinases Sty1 and Hog1; cd07856" /db_xref="CDD: 143361 "		
CDS	1..435 /gene="HOG1" /db_xref="InterPro: IPR008271 " /db_xref="UniProtKB/Swiss-Prot: P32485 "		

Exercice 3 :

1. Indiquez le nombre de séquences protéiques du NCBI correspondant à la nitrate reductase chez la plante *Arabidopsis thaliana*
2. Ecrivez la requête utilisée pour les identifier

Exercice 4 :

La protéine Q94F62

1. Est-elle sécrétée ? Expliquez votre réponse
2. Indiquez le numéro d'accèsion PFAM du domaine kinase de Q94F62.