

Quiz - Séance 2

Total points 10/10 

Ce questionnaire a pour objectif de vous aider à vérifier votre maîtrise des éléments vus en cours. Vous répondez aux questions suivantes. Si vos réponses sont justes, tout va bien ! Si ce n'est pas le cas, il est important de revoir le cours et de solliciter les enseignants si des clarifications sont nécessaires.

Gaëlle et Fabrice

0 of 0 points

Quel est votre prénom ? *

Gaëlle

Quel est votre nom ? *

Lelandais

Formats de fichiers en bioinformatique

4 of 4 points

✓ La séquence d'un génome complet est écrite dans un fichier au format : * 1/1

- BAM
- GFF
- FASTA
- FASTQ
- SAM



✓ Les séquences Illumina sont écrites dans un fichier au format : * 1/1

- BAM
- GFF
- FASTA
- FASTQ
- SAM

✓

✓ Le résultat d'un alignement des séquences (reads) sur le génome de référence est écrit dans un fichier au format: *1/1

- BAM
- GFF
- FASTA
- FASTQ
- SAM

✓

✓

✓ L'annotation d'un génome (position des CDS par exemple) est écrite dans un fichier au format : *1/1

- BAM
- GFF
- FASTA
- FASTQ
- SAM

✓



- ✓ Lors d'une analyse de données RNAseq, les étapes suivantes sont (classiquement) utilisés : *1/1
- Alignement des séquences (reads) sur le génome de référence ✓
 - Contrôle de la qualité des séquences ✓
 - Recherche des motifs dans les séquences promotrices des gènes
 - Quantification des niveaux d'expression des gènes ✓

- ✓ Pour réaliser l'alignement des séquences (reads) sur le génome de référence, les fichiers/outils suivants sont nécessaires : *1/1
- Logiciel FATQC
 - Logiciel Bowtie2 ✓
 - Logiciel htseq-count
 - Logiciel DESeq2
 - Fichier FASTA ✓
 - Fichier FASTQ ✓
 - Fichier GFF
 - Fichiers BAM/SAM



- ✓ Pour réaliser quantifier les niveaux d'expression des gènes, les fichiers/outils suivants sont nécessaires : *1/1
- Logiciel FATQC
 - Logiciel Bowtie2
 - Logiciel htseq-count ✓
 - Logiciel DESeq2
 - Fichier FASTA
 - Fichier FASTQ
 - Fichier GFF ✓
 - Fichiers BAM/SAM ✓

La bioinformatique et ses pièges...

3 of 3 points

- ✓ Est-ce que des fichiers nommés "genome.fasta" et "genome.fta" peuvent tous les deux contenir des séquences génomiques 1/1
- Non, un fichier au format FASTA doit porter l'extension ".fasta"
 - Oui, un fichier FASTA peut porter différentes extensions (".fasta", ".fa", ".fta", etc.) ✓
 - Oui, mais ces séquences génomiques sont obligatoirement différentes



✓ Je ne vois pas les extensions des fichiers enregistrés sur mon ordinateur de travail. Cela signifie : 1/1

- Que les fichiers ont été changés au moment de leur téléchargement
- Que les fichiers ont été renommés au moment de leur téléchargement, mais les contenus sont restés intacts
- Que l'option "masquer les extensions de fichiers" est activée sur mon ordinateur ✓
- Je ne comprends pas en quoi la question est importante

✓ Parmi les fichiers suivant, quels sont ceux que je peux envoyer par email à une autre personne ? 1/1

- Génome de référence (espèce humaine)
- Génome de référence (espèce bactérienne) ✓
- Fichier FASTQ
- Fichier GFF ✓
- Fichier BAM

This content is neither created nor endorsed by Google. - [Terms of Service](#) - [Privacy Policy](#).

Google Forms



