**Exercices de Travaux dirigés**

*Question 1*

Compléter

**La variation génétique entre les personnes est causée par :**

Sélectionner un :

a. Différences ou variantes d'un seul nucléotide

b. Courtes insertions / suppressions

c. Variantes structurelles

d. Tout ce qui précède

e. B et C

*Question 2*

Compléter

**Parmi les défis majeurs à relever pour trouver des loci de maladie complexes, on peut citer**

Sélectionnez un :

a. Les facteurs environnementaux et aléatoires aident également à déterminer le phénotype

b. De multiples gènes contribuent à la maladie

c. Aucune variante unique n'est nécessaire ou suffisante pour la maladie

d. Tout ce qui précède

e. Aucune de ces réponses

*Question 3*

Compléter

**L'ARN-seq est :**

Sélectionnez un :

a. Une approche qui peut être utilisée pour déterminer quels sont les transcrits de gènes qui sont co-régulés.

b. Une nouvelle méthode pour le séquençage de grandes quantités d'ADN.

c. Le processus par lequel nous déterminons quelles parties du génome sont transcrites, et à quels niveaux.

*Question 4*

Compléter

**Comment l'expression des gènes peut-elle être différente selon les types de cellules ?**

Sélectionnez un type de cellule :

a. Les facteurs de transcription peuvent être spécifiques aux tissus.

b. Les états de la chromatine sont différents.

c. L'expression des gènes n'est pas différente entre les différents types de cellules

d. A et B

e. Tout ce qui précède

*Question 5*

Compléter

**Les Big Data sont précieuses pour les études génétiques car :**

Sélectionnez-en une :

a. L'analyse simultanée de nombreux types de données différentes facilite l'interprétation

b. Plus de données signifie de meilleures valeurs P

c. Les grandes cohortes signifient plus de points de données

d. Tout ce qui précède

e. A et B

f. B et C

*Question 6*

**Utilisez la séquence de référence de 40 paires de base suivante pour interpréter les données de séquençage**.

Séquence de référence :

ATTAGTTCAGGATAACCCCGGTTAAATATAGGGCGTAGCA

Données de séquence 1 :

ATTAGTTCAGGATAAGCCC

CCGGTTAAATATAGGGCGTAGCA

TCAGGATAACCCCGGTTAAATA

ATTAGTTCAGGATAACCCCGGTTAA

AACCCCGGTTAAATATAGGGCGTAGCA

GTTCAGGATAACCCCGGTTAAAA

TTAAATATAGGGCGTAGCA

Alignez ces séquences. (Cela se fait le plus facilement par copier-coller dans un document.) Quel type de mutation est représenté ici ?

a. Single nucleotide polymorphism

b. Insertion

c. Deletion

d. Variant Structurelle

e. Pas de mutation

*Question 7*

Dans les séquences ci-dessus, trouvez la paire de base 20 (la première est le numéro 1) dans la séquence de référence de la question précédente. Quelle est la couverture (coverage) de cette paire de base dans cette lecture ?

Sélectionnez une réponse :

a. 1X

b. 3X

c. 5X

d. 8X