Exercices avec le logiciel R

Épreuve aMIG - Contrôle terminal - 28 avril 2009

J.R. Lobry, L. Duret

27 avril 2009

Les deux problèmes sont complètement indépendants.

(Durée : 2 heures)
Documents autorisés

1 Problème 1 (J.R. Lobry)

On utilise principalement ici le génome complet de la bactérie *Chlamydia trachomatis* qui est distribué avec le paquet `seqinr`, il n'y a donc pas besoin de connection internet pour récupérer ces données.

```
library(seqinr)
ctf <- system.file("sequences/ct.fasta", package = "seqinr")
myseq <- read.fasta(ctf)[[1]]
```

1.1 Question 1

Quelle est la taille du génome, exprimée en paires de bases (bp), de *Chlamydia trachomatis* ? Donner le code R permettant d'obtenir ce résultat. Comment se situe la taille de ce génome par rapport aux autres génomes bactériens ?

1.2 Question 2

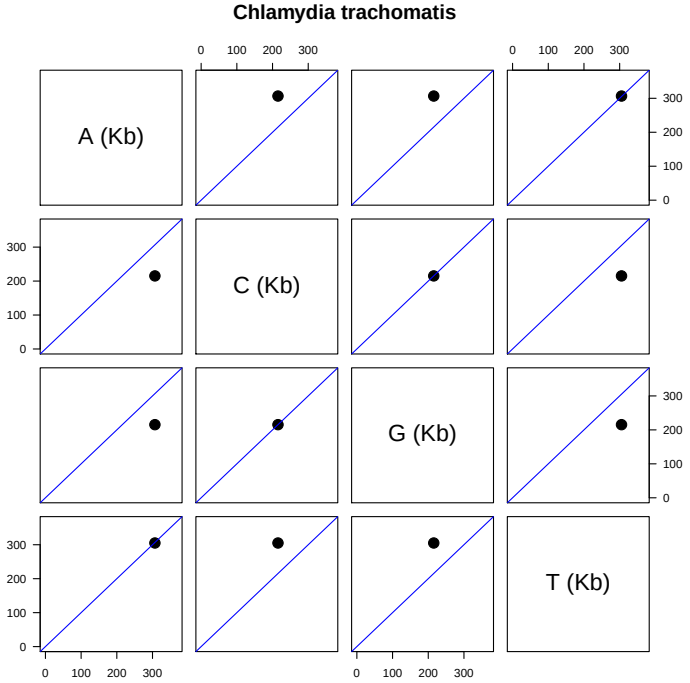
Quel est le taux de G+C, exprimé en %, de ce génome ? Donner le code R permettant d'obtenir ce résultat (sans utiliser la fonction pré-définie `GC()` du paquet `seqinr`). Comment se situe le taux de G+C ce génome par rapport aux autres génomes bactériens ?

1.3 Question 3

On s'intéresse au nombre total des 4 bases, exprimé en Kb. Que montre le graphique suivant ?

```
na <- sum(myseq == "a")/10^3
nc <- sum(myseq == "c")/10^3
ng <- sum(myseq == "g")/10^3
nt <- sum(myseq == "t")/10^3
mydf <- data.frame(list(na = na, nc = nc, ng = ng, nt = nt))
lims <- c(0, 1.2 * max(mydf))
panel.lm <- function(x, y, ...) {
    points(x, y, ...)
```

```
    abline(coef = c(0, 1), col = "blue")
}
pairs(mydf, xlim = lims, ylim = lims, pch = 19, cex = 2, las = 1,
    lower.panel = panel.lm, upper.panel = panel.lm, labels = c("A (Kb)",
        "C (Kb)", "G (Kb)", "T (Kb)"), main = "Chlamydia trachomatis")
```



1.4 Question 4

Pour savoir si la propriété mise en évidence dans la question précédente présente un caractère de généralité on récupère les données suivantes :

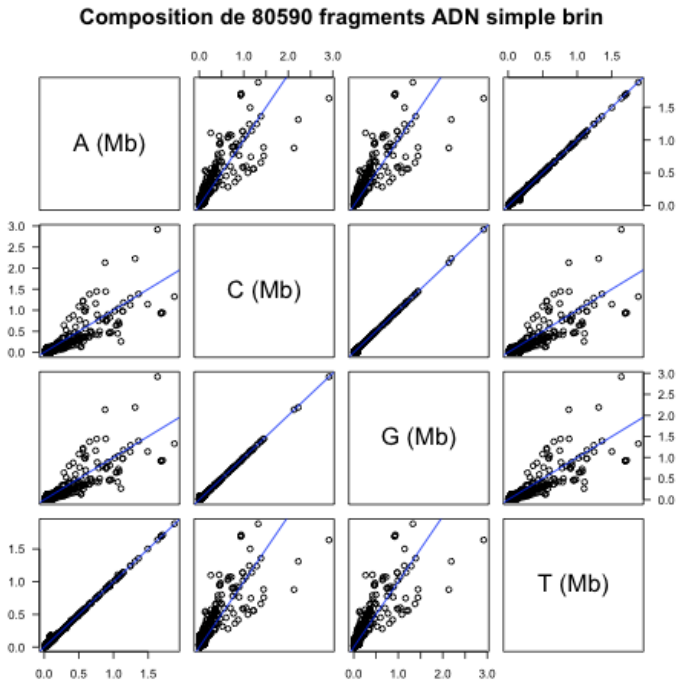
```
load(url("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/big50.RData"))
dim(big50)
```

```
[1] 80590     7
```

```
head(big50)
```

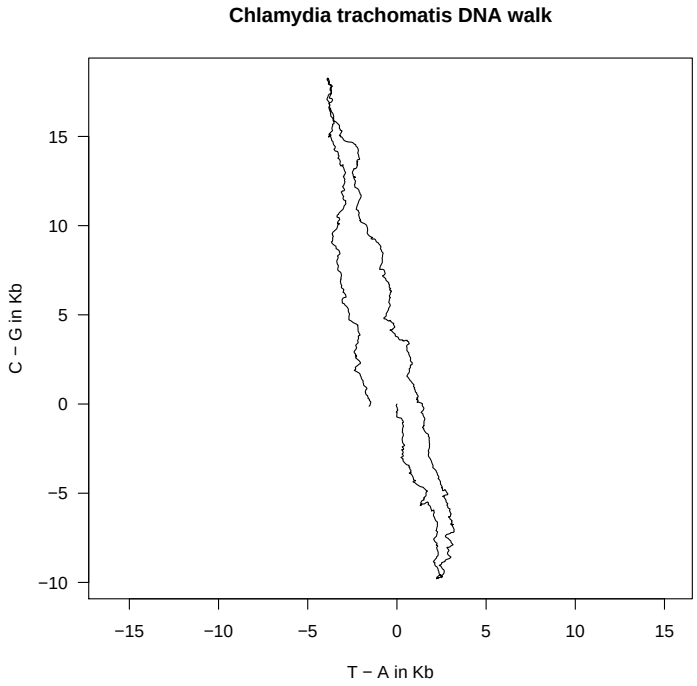
```
   mnemo     bp     A     C     G     T O
1 A48542 133894 39195 27151 27347 40201 0
2 A69720  53789  6707 19183 20504  7395 0
3 A79350 320040 66253 93201 94558 66028 0
4 A79351 236165 48909 68589 69313 49354 0
5 A93002 320040 66253 93201 94558 66028 0
6 A93003 236165 48909 68589 69313 49354 0
```

Il s'agit du nombre de bases nucléotidiques dans 80590 fragments d'ADN simple brin de plus de 50 Kb (extraits de GenBank le 24 novembre 2004). Donner le code R permettant de produire le graphique ci-dessous et votre interprétation du résultat obtenu.



1.5 Question 5

Le graphique ci-dessous a été obtenu à partir des données sur le génome de *Chlamydia trachomatis*. Donner le code permettant de produire ce graphique. Que montre ce graphique ?



2 Problème 2 (L. Duret)

2.1 Protéine de souris

La protéine MaProt (de souris) a été caractérisée en 1998. Cette protéine a été comparée à la banque de données SwissProt à l'aide du logiciel BLASTP. La liste des séquences similaires détectées à l'époque par BLASTP est indiquée ci-dessous :

```
################################################################################
BLASTP 2.0.5 [May-5-1998]

Query= MaProt

Database: SwissProt
           600,231 sequences; 186,808,058 total letters

                                                                 Score     E
Sequences producing significant alignments:                      (bits)  Value

Seq1    264 Human Seq1 protein.                                  1851  0
Seq2    193 Chicken  Seq2 protein                                 138  1e-55
Seq3    351 Zebrafish Seq3 protein.                               92  1e-03
Seq4    558 Drosophila Seq4 protein.                              31  0.7
Seq5    531 Caenorhabditis elegans Seq5 protein.                  42  0.9
################################################################################
```

En 2009, on a refait la recherche de similarité avec BLASTP sur la dernière version de la banque de données SwissProt. On a obtenu le résultat suivant :

```
################################################################################
BLASTP 2.1.9 [April-15-2008]
```

```
Query= MaProt

Database: SwissProt
          6,8102,836 sequences; 191,518,738,896 total letters

                                                                  Score     E
Sequences producing significant alignments:                       (bits)  Value

Seq1    264 Human Seq1 protein.                                   1851  0
Seq2    193 Chicken  Seq2 protein                                  138  1e-54
Seq3    351 Zebrafish Seq3 protein.                                92  0.01
Seq4    558 Drosophila Seq4 protein.                               31  7
Seq5    531 Caenorhabditis elegans Seq5 protein.                   42  9
###########################################################################
```

1. Donnez la liste des homologues identifiés par BLAST en 2009 et ceux identifiés en 1998 (vos choix doivent être justifiés).
2. Donnez la définition de la "E-value".
3. Pourquoi la "E-value" est-elle différente en 2009 par rapport à 1998 ?
4. Quelle méthode de recherche de similarité pourrait-on utiliser pour gagner en sensibilité ?

2.2 Fragment du génome du poulet

Un fragment du génome du poulet (*Gallus gallus*) a été séquencé :

```
cat(readLines("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/poulet4.fasta"),
    sep = "\n")
```

```
>poulet4
GATAAAAGTTTAACGTGATTTTTCAGTGATATAATTTCCATACAGGAAAAGTGTATGATA
GATTTGAAAAAGGAATTATGTAATTCTGATTCATTTTTTTTTAAGGAGCAGATGATTTTAG
GTAAGCTTCTAAGAGAGCTATTTGAATAATCTATACGTTATAGACATACAGAGATTGGTT
TTAGATGTTATTTTTCTGGAAAGATATACTAATGTGTAATAGAATACTTACTATGGCAAC
AGCATGTGAAATGTTTTTAAAACAAAAGTAATTTTTTTAATAGGTCTTACAAGAAGCCTA
AGTATAACTTCAGCTGAATCAGCATTTGAAAAAGCTCAAGGAGAGAGAGTTACGTTGCCA
TGTACCTTTGAACTCTCAGAAGAGGATGTAGGCACACTAGATATTGAGTGGGTTTTGATA
CCAGCAGATATTCAGAAGAAGGAAGAAACAGTAAGTAAAAACTTCTTAATTTTTGGCAGC
TGTAGTCAAGTCATTAGGGTAAGTCAATGTGTGAACTTTGGTAGTGACTCTTTTGACTTT
CACCTTTTCAAGATGGTATGCGTGTGATCTTAAATTACTTTGAAGCACCAATGTGGAAGT
TATGAAATAGTGAGAATGTTACAATATTTTGTGCTTAATCCTCTATTCACTGTGAACAAT
TCTAAAATTAAAAAATGATTCAGAGAACAGACAACTCTGCTTTTGCAGACCTACACTATG
TTTCTGATTGAAAGAAGTCGTTTATAAGAATTTGGTCTTAAATGTAGTATGTCTTTGTTA
GTTATTAGCTCTTTCACTTATTCTGAAGTCTGAGAACTTCTTTAGCAGAGATTTTACAGA
ATTAAGATTAGATAAATAGTTTTCTTTAAGACAGAAGACAGTGTTGACATTCTTTCACTT
GAACAGGTATTGCATTGGAGTATTTGTTAGAGCGTTTTGTGTGGTGTTATTTTGAAAAAA
GGTACGTCATGCCCTGGGATTACTTTAAACAGTAAAGGGAGGCTGCTAAAAATCTGAAGA
TGCTTTTTATTTTTTCTTCAAATGTTCATATGTCAAGTAGATTCCTGAACCGTATTTCTT
CTTTTACAGATAATTCTATATTCTGGAGATAGGATTTATAATCATTATCATCCTGCTCTG
GCTGGGCGGCTGCAATTTACTAGTTCTGATCCCAAATCTGGTGATGGTTCAGTGGATATC
CTGAATTTAAAGTCAGCAGATACTGGCACATACCAGTGCAAAGTGAAGAAGGCTCCTGGA
GTTGAAAGCCTAAAAATACAGTTGAACGTACTTGGTAAGCAAGTTTTTTTTTTTTTCCCA
TGAATTTCAGTGGCATGTTTGTGTTTATGCTATTTTTCATTTGATATATAAAATGAAAAC
GAATGTAGGGCAAAGTCATACTGAATCTACAATAATGCATCCATTATTAAGTCTTCAGGA
CAGGGGCAGGCAAAGTAAATAATAGAGTAATTGAGCACTTTTAAAAATTGTGCATCTGAT
TCGTATTTCATAGTATTTTTTTCATGCTTACAAAGGCTTTGTTGTACAAAATTGCTATAG
TAAAATGTGCTGATGAACTAAAATGTTACGATTTTGATTGTGACTTATTAATTCAATAAT
ACTTTGTTTATCAGTAAAGCCAGCAAGCACTAAATGCTCCATTGAAGGATCACAGGAGAT
TGGAAAGGACATTGTATTGAAGTGTGCATCACAAGAAGGAACCCCACTTTTGTATTATGA
CTGGAGAAGAGTAGTAACTGGCACACACAAGGACTTCCTGCCACTTCCGTACTAAGTATTGT
CAAACTTTAAGTATTTCAGAATAATAAATAATACAGATTGTATTCATATTTTTGACATAT
TTTGACTTGTTAGCAGCTTATGCGTGCTTTTAATATAGAGCAGTCTATAGAAGTGTCACT
TCTATCCTTCCAGTGGATAGTAAAACTGACATTTAAACAAGCTACTCCGAGTTGAGAGAG
ATTCTTACCATTAGGTTTGCAGAATCATGCTAATCTCTGCATACAAATGTTTTGACTGCT
CTTGCTTGTTGATTCTTGGCTGCTTTTCTGTTCAGATGGATGGGGTGAAGAGTCAGAATA
GAGTATAGACCAGTGGTTTGAACTGTATATTCAATTGGAAATGAAATTTAAATTTTAGTA
TAGATTGAAGTGAGAGCTTCAGTTTCTGGTCAAGTGATGGAACTGCTTAGTTAAGGAGGG
GAGAGAATACATGTCTATGGAAGAAAAATTGTCATGAGTAAAGGAAATGAGAAGGTTGTC
TCTCTTCTTATGTGACACATCCAGGAAAGAATTTTCTTAAAAAAAACTGGCTTATAAATT
GAGAATTGTTATTGTGGTGGTATTGGATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGTGAAAACTTAA
TTGCTGAAGTTTATTAGAGAAGTTGATTTTACTCATCAGTTTAGTTCATTGGTAGTTTGT
GAGTTCTGACTTTGAAAGTTATCCTGGAATATTTTATGTAATTATGCTTTGCAGTACCAA
TTCTTTTTTACTTTTGTAATTAAAAAAAAAAAAAAGCTTTAAAGCCTTGAAATGGTAGCC
```

```
CTTTAAGTGCAGGTATAGCTCTTTAAGTATTTGCTTAGAAGTGTTTTAACTCAGATTGCA
AATTACATACAGGATGAAAACTATCATGATATGTTCAAGAGCAGCCATAGTCTTGGGAGA
GAGATTAGGAACATGTGTGGATCTTCTTCATAATGATCTCCTGTCCTCCTGTCATTTATG
CTTTTAGACCTTCCAGAGGGAGATACGGTTTCCATTCAATTGACCTAAACCAAACAAAAG
TGACTATCTGAACTCTGCTTTGTACTTCTCCAGTCTACTTCAAACTGTAGTCCAGTAGTA
TCTGCATGTCTTAGGGGACATAACTCCTAAAAATTAATTGCATCTGAAAAACCTTGTACT
GTTCTTGAGCTTGCCTTGTGGTAGTGCTGTTTGATACATCCTATTTCTTGTTTTGACAAC
AAGCAGTTAGTTACTAATGTCTCTGTGTATCATTCAAGACCTTAAGCTTCTATTGTTCTC
TCTTTATCCACATTGCAAATTTGTTTCATAAATAAATTGATAGTTTTAGTGCTGGACAAG
AATGAGGAAGTATACAGAAATGGTGTGTAGCATCATTAAGCTACTGTTGCTTTCGGCTTG
TGATTGTAGGTTCATGGGCACTGAATGTGCTGTCAAGAACCTAGATGCTGCTTCACTTCA
GCTGAAGGAGCTAGCTAGGTCTTTGTGTGATTCTTTAGTACTGAGATGTAGTCTCTTGAC
AGCTTGGGATTTAAGTGCTGATGGCAAATCTATGAGCAATCTGAGTGTTCAAGCCATTTG
AAGTTCAGATAGTAATATCTCAAAGGTAGCTACCAGTTGCTTTGGAAGCCTTAGGAAGAA
ACTTTTTCTGTTTTCGCTCAGTCAGCCTATCTAGAGTTAAATGGTCACCTATTGGATCAG
CCTTTTGTGTTGAACGTGAGTTCTGCAGACATCTGAGATGGTTGCATAGAATTACTTCAC
ATACAGAAGAGAAGGAGATTCCTTTGGGATGCAGCTCATCCACTGTATTTTAAAACTCCA
GGTTAGGGTGAGAGAACTTGCCATCTTAAGTATCCTTTTCTTTCCATTGGCAGAGCAATT
TGAAAGCCTTGTTACTAAAGTCAATTTCTGTGGCATAAATTTCTACTGAAGTAAACGGTT
TTTACAAATAGTAGTGTTCTGTGGTGGAGTAAACTTTTGGTTTTGAGTATTGTTTTCAAT
ATGGCATTTTTAGTTAAGATTTCATGAATGTGCTTGATTAATAATTCTGTTGCGTGCTGG
ATTGATAATTCTGTTGCATTGAATTAGAAATTAAACTTTGGTAAATGGTAAACCTTTTGC
TTCTTATTCTTTGTAGACAAAAATACAGGGGAACTTCTCTTGAAAAATGCCTCTAAAGAC
TATTCTGGTACATACAGTTGTGTTGCTTCAAACCGAGTTGGCACAGATGAATGTTCTGTT
GAGCTGAATGTCACCCCTCGTAAGTGTTCACTGTGTAGTAGTCACATAGTGTTTTGTGTA
TTTGAATAATCTTGTTTCTCTATATTCTTAAAAGTTTAAAAACAACAAACACTGTTTTGC
AGCTGAGGGTTGCTGCTTTAAATTTGTACTTTGCCGAAGATTTGATTATTTTTTTTTAAT
GTAGAAAGATACAATTCTCCTGTCATTCTCAATCACAGAATTGAAACATACCTCTACTTC
AGTGATAAATTAAGTTTGATGCTTAAACACTATTGTAATTTATCTATTCTAGCTATAAAT
ACAGCTGGTGTAATTGCTGGAGCTATTCTGGGAACTCTGTTGGGTCTTGCCTTGTTGGCT
TTTCTTGTCATCTGTTGCTGTAAGAAGCATAGAGAGAAGAAATATGAGAAAGAAGTACAT
CATGAAATCAGGTAATGACATGCCTAGCTTGAGAGGTTCTGCTTGAAAATTAGCTGCTAA
ATGACTTTATGCAAGGAAGATGACTAGTAGTTGGGATTTCTGTTTTAATCTGGTAAATTT
ATTAAAACACTAACAGTTCATCTGAGAACTTGTTTTGAGTATGGTGTAGGTAGTCATGTC
TTCCTACTTTCAGTAAAAATCTTAAAGACAATGATAACTTCCTTTTTTTTTTAAGATTAA
AAAAAAGCCTTTTTGTCTACTGAGTCAGAATGTGAAGAAACAAATGGAAACGTTATTATG
CAAGCTGCTGCGTAGCAGTAACTGAACTCTTGTTGTGCAACTGTTCTTTCTTTTCTTTCA
GAGAAGATGTTCTGCCTCCAAAAAGTCGCAGTTCAACAGCACGCAGCTACATAGGCAGCA
ATCGTTCTTCTCTGGGTTCAATGTCTCCCTCAAATATGGAAGGATACTCCAAAACTCCAT
ATAGCCAGGTTCCAAGTGAAGACTTTGAACGTACTTCTGGTCAAAACCAAACCATTGCAT
CTTCAAAGGTAGCTGCACCTAATTTAAGTAGAATGGGAGCTGTCCCTGTGATGATTCCAG
CACAAAGCAAAGATGGGTCCATAGTATGAAATATTAATTTAAGTCCTGGGTTTTTTAAGT
GTTTGTTGTAAGTATTAGAGAAAACTACAGTATTCCAACCCTCATTTAAACAATGGCATG
CAATTTTCCTTGAAGTAAATGAACATGTTAGTTTGAAAAGCCACCAATTCTCATTTTTAA
TTTTAAACTTATTAGTGTGTAACAGTTGAACTATTGAAAGCGTGAGAGTTCCTAAATATC
AGATACTGAAGGTGTTTGGATCTCTGGTGGCTTGCTGAAGAGATGCTATTAGCTGATGTG
CAGTTCTCAGAATCTGAAAGAGCAACACAACTGAGAAGTAACAAAACCATTTCATATGTA
GACAATGAAGTTCCTCAGAGTTCCTGAAGCTTTATTCTCAGTCTTGGAGTAAAGGGGTAT
TTTAATTTGGCCACTGTCTGATGAACTTGCAGTGGGGCTGAGATACTGAGGAGAACTTTG
AATTCTGCTCAAACTCAGAGGACTTATGCAGTTCTTGAAGTTGTCTGGAGTGTTTCCTGG
GTTGTTATCTCAGGGGCTACCAGTCATTTGGTTGGTTCAGTTAATTTAATGAATCTGTTC
TGAGTTTAAAATTACAATGAGTAAAAATGCAACAGGAGATTTTGCAAGCTCCTTGAAATC
AGAATTTTACTGCATTAACTGGTTCTAGTAGTGTCAGATAGTTAAGTTATCCTATGTAAC
ACGTCTTATCAGATTGTTACTAGTGGTATCTAGGTTCTAAAATCTATAGCTCAACTGTTA
CATTGTCAAAGTTAGAGTGAACATGCATCTCTGCAGGTCTTAAGTTAGCTGTATCTCACA
TTTTCCAAAGCCTCTTTAGATTCTAAGGCAGTGTTCTTTTTCTAAACCAACTACCTAGAA
GTTTCACGGGGCTTGATTACAGCTGTTAAGAAACTGGTATTTAATAGTTGCTCTTGCTC
```

1. Recherchez le(s) gène(s) contenu(s) dans ce fragment.
2. Décrivez la structure (*i.e.* les positions des introns et des exons) du (ou des) gène(s).
3. Décrivez et justifiez chacunes de vos étapes (*e.g.* pourquoi doit-on rechercher et masquer les séquences répétées ?).