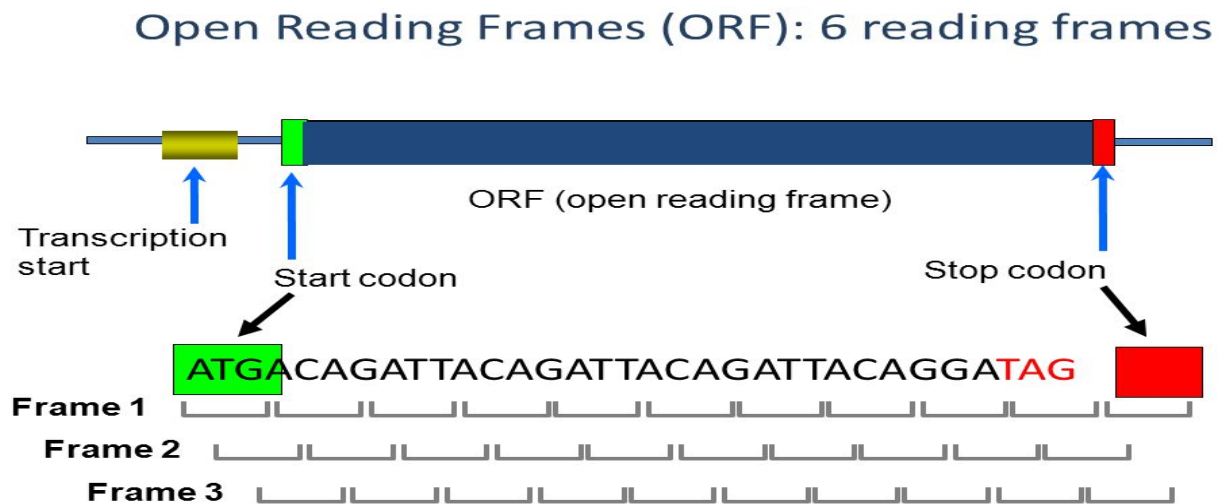


TP2: Cadre de lecture ouvert (ORF) : principe et recherche

1- Qu'est ce qu'un cadre de lecture ouvert (ORF)



© Hope Maxwell

2- Recherche d'ORF par des outils bio-informatiques:

Nous allons utiliser cette séquence pour la recherche d'ORF:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM_001304948.1

Téléchargement de la séquence :

wget <http://www-bac.esi.umontreal.ca/~dbin1002/automne2017/sequence.fasta>

Recherche d'ORF par l'outil showorf d'emboss :

```
ssh esilbac4
```

```
module load emboss
```

```
showorf sequence.fasta
```

Analyse du fichier de sortie de showorf:

less le_nom_de_votre_fichier_de_sortie.showorf

Afficher les ORFs de la séquence par l'outil plotorf d'emboss :

plotorf sequence.fasta

Q1 : Quel est le cadre de lecture de la séquence ARNm du gène Opm1?

Q2 : Écrivez un programme qui demande à l'utilisateur de saisir une séquence nucléotidique. Vous devriez savoir si la séquence saisie contient un ORF.

- **Quelles sont les conditions à mettre?**

Exemple d'exécution :

Saisissez votre sequence : ATGTTACTTGTA

ORF!