Bonjour Monsieur,

**Contexte :**

Tout d’abord, il nous a été demandé de compter le pourcentage de combinaison C+G ou G+C et A+T ou T+A dans l’ADN fournit : **DNAFile.txt**.

Et que lorsqu’une séquence « CGC » apparaît, cela compterait comme une seule combinaison.

De ce fait, voici les résultats obtenus par le code du fichier : « *WU\_Paul\_USE\_CASE\_DNA.py*» (voir ci-dessous)

**Analyse des résultats :**

Nous pouvons analyser que dans l’ADN qui nous a été donné, que :

* Il y a **11 paires** de « C+G », donc 22/71 nucléotides appartiennent à la paire « C+G », ce qui représente un pourcentage de **30.99%**.
* Il y a **15 paires** de « A+T », donc 30/71 nucléotides appartiennent à la paire « A+T », ce qui représente un pourcentage de **42.25%**.
* Et il reste 19/71 nucléotides qui ne sont pas dans « C+G » et « A+T », soit un pourcentage de **26.76%**.

On peut en déduire qu’il y a plus de combinaison « A+T » que de combinaison « C+G » dans cet ADN.

