**Analyse genes d’intérêt transcriptomique**

**Production de CO2**

**T1 : croissance**

Surexpression dans toutes les souches :

* pck : Phosphoenolpyruvate carboxykinase
* sucAB : TCA Cycle
* icd : TCA Cycle
* speC/D : Décarboxylation acides aminés
* iscS : thiazole phosphate synthesis. A lire : https://biocyc.org/gene?orgid=ECOLI&id=G7325

Surexpression dans toutes les souches sauf GAP :

* gcvPHT : Glycine Cleavage System. Induit à hautes concentrations de glycine, 2 glycyine + … 🡪 1 serine + CO2 + …
* ilvN : Acetolactate synthase (together with ilvB)

Surexpression tous sauf goret (avec exceptions) :

* maeB : réaction ME avec meaA (Saccha !)
* allA : Ureidoglycolate hydrolase. Participates in the creation of glyoxylate.
* panD : Aspartate 1-decarboxylase. Participates in alanine and aspartate metabolism. L-aspartate <--> beta-alanine + CO2.
* ilvI : Acetolactate Synthase
* thiI : thiazole phosphate synthesis.
* fldA : Participates in POR5, decarboxylation of pyruvate to acetyl-coA via reduction of flavodoxin.
* pyrF : orotodine-5’-phosphate decarboxylase. Involved in UMP de novo synthesis.

Surexpression seulement Saccha:

* oxc : Oxalyl-CoA decarboxylase. Involved in the degradation of oxalate and in glyoxylate metabolism.
* hemF : Porphoryn metabolism
* tyrA : Production de prephenate à partir de chorismate puis décarboxylation.
* ubiX
* maeA : voie maeB.
* trpC : tryptophan biosynthesis.

**T2 : Production**

Surexpression toutes les souches :

* fabF : Initiation of fatty acid biosynthesis.
* Pck :

Surexpression tout sauf gap :

* sucAB

Surexpression seulement gap :

* gadAB
* oxc
* tyrA

Surexpression gap et pkt :

* speC
* maeA
* panD
* ilvH

Seulement pkt :

* ilvBN
* tauD : ../../../../Desktop/Screen%20Shot%202017-10-13%20at%2013.26.47
* fldAB

Seulement Saccha :

* ilvI
* ubiX
* dmiA : malate decarboxylating oxidoreductase (decarboxylating). Implicated in pyruvate metabolism and carbon fixation.

Gap et Saccha :

* trpC

Seulement goret :

* aceEF : PDH.