

(partie II)

Nous allons aujourd'hui tenter de mieux comprendre la structure du ou des gènes annotés ainsi que leur(s) fonctionnalité(s).

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CP007136.1>

Comparez les annotations que vous venez de faire avec celles trouvées sur ce site notamment concernant les 4 CDS. Que pouvez-vous dire ? De quels gènes s'agit-il ?

2. Vous avez déjà entendu parler dans vos cours de L2 de cet opéron, ainsi expliquez comment s'effectue le contrôle négatif de l'expression de cet opéron ?

Vous pouvez ainsi, dans un premier temps, rechercher les signaux de régulation qu'il vous manque pour finaliser l'annotation de cette séquence à l'aide de DNA Pattern : http://www.bioinformatics.org/sms/dna_pattern.html.

- pour l'opérateur :
/AATTGTGAGCGAATAACAATT/ (opérateur)
- pour le site CAP :
/AATTAATGTGAGTCAGCTCACTCAT/ (site CAP)

- 1/ Que se passe-t-il en présence de glucose et de lactose ?
- 2/ Que se passe-t-il en présence de glucose mais pas de lactose ?
- 3/ Que se passe-t-il en l'absence de glucose et de lactose ?
- 4/ Que se passe-t-il en l'absence de glucose mais en présence de lactose ?

Vous allez ici à l'aide d'un programme python rechercher les motifs de type boîte -35, boîte -10, RBS, opérateur et site CAP qui sont contenus dans un fichier appelé MotifsQ7.txt dans la séquence contenue dans le fichier SequenceQ7.txt. Attention la séquence d'ADN à annoter et les motifs sont identiques à ceux du TD ci-dessus.

Trouvez-vous les mêmes positions qu'avec dna pattern.html ?