

Dossier technique de l'activité : production de bio-carburant de 2^o génération

Document 1

J Appl Microbiol. 2002;92(1):32-40.

Aerobic and facultatively anaerobic cellulolytic bacteria from the gut of the termite *Zootermopsis angusticollis*.

Wenzel M¹, Schönig I, Berchtold M, Kämpfer P, König H.

Author information

Abstract

AIMS: To demonstrate the occurrence of cellulolytic bacteria in the termite *Zootermopsis angusticollis*.

METHODS AND RESULTS: Applying aerobic cultivation conditions we isolated 119 cellulolytic strains from the gut of *Z. angusticollis*, which were assigned to 23 groups of aerobic, facultatively anaerobic or microaerophilic cellulolytic bacteria. 16S rDNA restriction fragment pattern and partial 16S rDNA sequence analysis, as well as numerical taxonomy, were used for the assignment of the isolates. The Gram-positive bacteria of the actinomycetes branch could be assigned to the order Actinomycetales including the genera *Cellulomonas*/*Oerskovia*, *Microbacterium* and *Kocuria*. The Gram-positive bacteria from the order Bacillales belonged to the genera *Bacillus*, *Brevibacillus* and *Paenibacillus*. Isolates related to the genera *Afipia*, *Agrobacterium*/*Rhizobium*, *Brucella*/*Ochrobactrum*, *Pseudomonas* and *Sphingomonas*/*Zymomonas* from the alpha-proteobacteria and Spirosoma-like from the "Flexibacteriaceae" represented the Gram-negative bacteria.

CONCLUSIONS: A cell titre of up to 10(7) cellulolytic bacteria per ml, determined for some isolates, indicated that they may play a role in cellulose digestion in the termite gut in addition to the cellulolytic flagellates and termite's own cellulases.

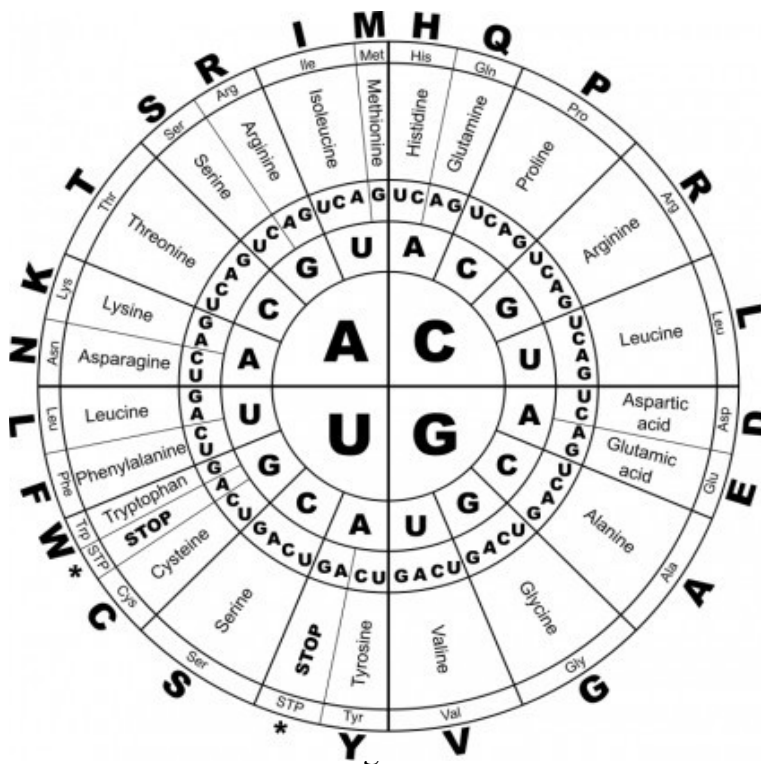
SIGNIFICANCE AND IMPACT OF THE STUDY: The impact of bacteria on cellulose degradation in the termite gut has always been a matter of debate. In the present survey we investigated the aerobic and facultatively anaerobic cellulolytic bacteria in the termite gut.

PMID: 11849325 [PubMed - indexed for MEDLINE]

Document 2 : convention d'écriture des bases azotée

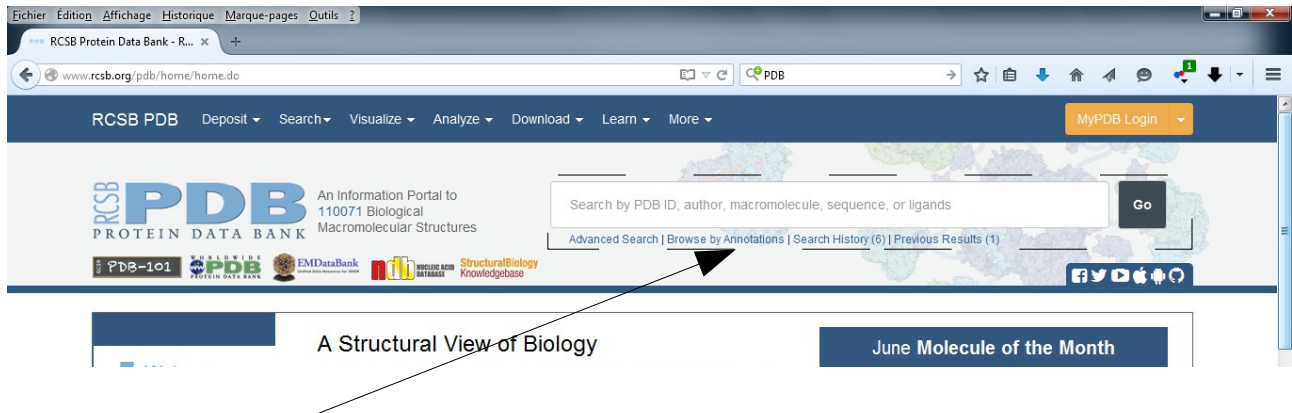
Base ou type de base	Code à une lettre
Adénine	A
Thymine	T
Guanine	G
Cytosine	C
Inosine	I
Uracile	U
Purine (A ou G)	R
Faible liaison (2 liaisons H) A ou T	W
Fonction cétone (T ou G)	K
Pas une Adénine	B
Pas une thymine	V
Pyrimidine (T ou C)	Y
Forte liaison (3 liaisons H) G ou C	S
Fonction amine (A ou C)	M
Pas une cytosine	D
Pas une guanine	H
Quelconque	N

Document 3 : le code génétique



Fiche Technique 1 : Protein Data Base

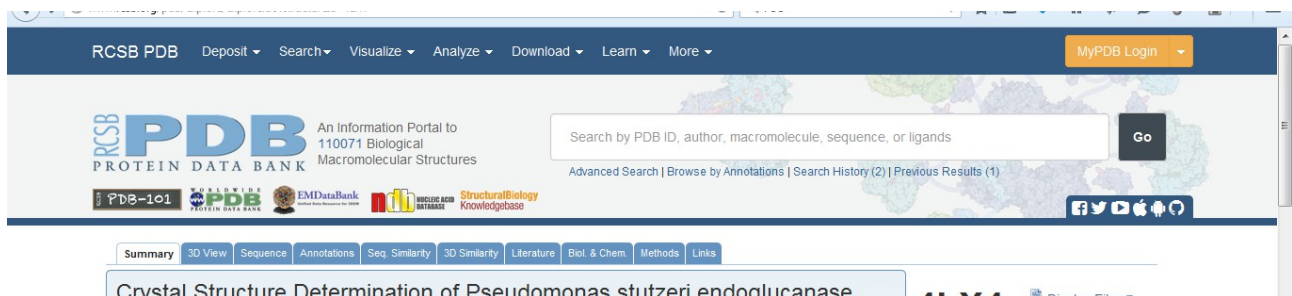
lien vers PDB → <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>



Le moteur de recherche de PDB permet de trouver une protéine en fonction de différents critères :

- les molécules qui se lient à cette protéine (le substrat d'une enzyme par exemple) ;
- le nom de la protéines ;
- l'organisme d'où la protéine vient ;
- sa structure primaire (enchaînement d'acides aminés) ; etc.

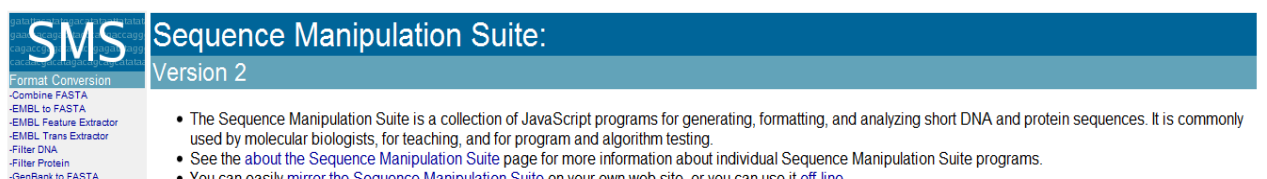
Une fois la protéine trouvée, **cliquer sur son nom** afin d'avoir accès à toutes les informations la concernant.



Les onglets ci-dessus permettent de la visualiser en 3 dimensions, d'obtenir sa séquence en acides aminés, etc.

Fiche technique 2 : le logiciel Sequence Manipulation Suite

lien vers SMS → <http://www.bioinformatics.org/sms2/>



SMS Sequence Manipulation Suite:
Version 2

Format Conversion

- Combine FASTA
- EMBL to FASTA
- EMBL Feature Extractor
- EMBL Trans Extractor
- Filter DNA
- Filter Protein
- GenBank to FASTA

- The Sequence Manipulation Suite is a collection of JavaScript programs for generating, formatting, and analyzing short DNA and protein sequences. It is commonly used by molecular biologists, for teaching, and for program and algorithm testing.
- See the [about the Sequence Manipulation Suite](#) page for more information about individual Sequence Manipulation Suite programs.
- You can easily mirror the Sequence Manipulation Suite on your own web site, or you can use it [off-line](#).

Fonctionnalités de SMS	
nom	fonction
1 to 3	Permet de convertir une chaîne d'acides aminés de la nomenclature à 1 lettre à la nomenclature à 3 lettres.
Reverse translate	Réalise une transcription inverse. À partir d'une chaîne d'acides aminés, retrouve les séquences nucléotidiques correspondantes.
Restriction summary Restriction digest	Identifient, dans une séquence nucléotidique, les sites de coupure des principales enzymes de restriction utilisées en biologie moléculaire. Summary → Indique les positions des sites de coupure. Digest → Indique la séquence et la taille des segments de nucléotides obtenus.

Remarque : à chaque fois, les séquences doivent être saisies au format FASTA

Fiche technique 3 : la fonction blast

lien vers un logiciel en ligne de blast → <http://www.pseudomonas.com/doBlastAlignment.do>

blast : basic local alignment tool. Ce programme aligne et compare la séquence qu'on lui donne avec celles de toutes les séquences (nucléotides, acides aminés) connues chez les organismes vivants.



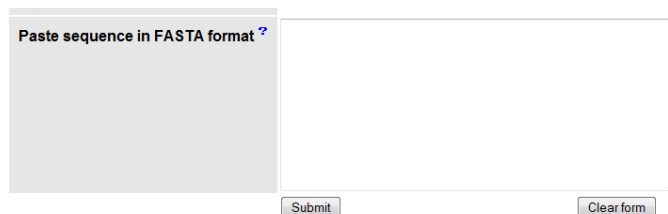
The screenshot shows the Pseudomonas Genome Database website. At the top, there are logos for the Pseudomonas Genome Database, Cystic Fibrosis Foundation Therapeutics, and UBC. Below the logos, a green banner reads: "Please visit our new site at beta.pseudomonas.com and view a more recent set of updated gene annotations and MANY more *Pseudomonas* strains." Below this is a navigation bar with links: Home, About, News, Database Overview, Database Search, Tools, BLAST, GBrowse, PseudoCyc, Updates Log, Download, View My Clipboard, and Contact Us. The main section is titled "BLAST Search" and contains a table of BLAST programs:

BLAST Program	
<input type="radio"/> BLASTN	Compares a nucleotide query sequence against a nucleotide sequence database.
<input type="radio"/> BLASTP	Compares an amino acid query sequence against a protein sequence database.
<input type="radio"/> BLASTX	Compares a nucleotide query sequence translated in all reading frames against a protein sequence database. You could use this option to find potential translation products of an unknown
<input type="radio"/> TBLASTN	Compares a protein query sequence against a nucleotide sequence database dynamically translated in all reading frames.
<input type="radio"/> TBLASTX	Compares the six-frame translations of a nucleotide query sequence against the six-frame translations of a nucleotide sequence database.

Sélectionner le programme de BLAST. Cela revient à déterminer :

- le type de séquence que l'on va saisir (nucléotides, acides aminés).
- la conversion éventuelle de cette séquence.
- le type de séquences (nucléotides, acides aminés) avec lesquelles la séquence saisie va être comparée.

Coller la séquence dans la zone ci-dessous puis cliquer sur le bouton "submit".



The screenshot shows the BLAST search form. It has a text input area with the placeholder text "Paste sequence in FASTA format?". Below the input area are two buttons: "Submit" and "Clear form".

TRAAM

Pour obtenir la séquence nucléotidique identifiée :

The screenshot displays the Pseudomonas Genome Browser interface. The main title is "Pseudomonas stutzeri DSM 4166: Vue de 990 bp depuis NC_017532, positions 2,794,116 à 2,795,105". The interface includes a navigation bar with links like Home, Database Search, Updates Log, GBrowse, Tools, Download, About, Whats New, and Links. A sidebar on the left contains sections for "Chercher", "Référéntiel ou Région", "Exemples", "Source de données", "Aperçu", "Région", and "Détails". The main content area shows a genomic track with a zoomed-in view of a 990 bp region. A dialog box titled "Pseudomonas Genome Database gene models" is open, showing options for "FASTA", "GFF3", and "Genbank". The "FASTA" option is selected. Below the dialog, there are buttons for "Download track data across region NC_017532.2.794.116.2.795.105", "Download track data across ENTIRE chromosome NC_017532", and "Download ALL DATA for this track". An "Annuler" button is also present. The bottom of the interface includes a footer with contact information for the Generic Genome Browser.

Cliquer sur "Download this track", cocher "FASTA" puis cliquer sur "Download track data across region NC_0175...".