Virus Report

18-01-2015 14:46:44

Secondary structure results

Virus name: HI-V

Sequence:

TGGTATCAGAGCAAGGTTTTCTGTAAGTAATTTATGGCTTTCATGGGGTAAAACCCTTAGA TAGGAGCCTGAGGGCTCTGCTATGTTCTATTTTGAGAAAATAACTGTGTAAGTAGTAATGC ATGATAAATCGAATAAGTTCTTTACGGATGGTCCTAAATTTATGAAATCATTCTTTTACTAT CTGAGTGAGACCCTTGTGTTTCCAAGTTCTACTGAGAAATCATGAGTAAATGGACGTTGA CACACTGACTTAAGGAAAAGAAGATGTGCCTAGGATGAAGTCGAGCACTGTTCTAGGCT GAAGGGTGAAAAGAAAATGAGTTGAGTTGGGAGTAAGACTCTGAGAGGCTTGAGGCAA CCGGTGTGAGTTTCTTTACCTAGCAGAAGATATACTCTAGTATCCTCAAAACACCGTGAAG TATTTACAACCCTTTATGAACAAGTATTTTCTGGAGTTAGATGTCAGCCACCAAAGATCAT GATCTATCACAAACAAACTTGAGTCATACAGAGAAGAACTCAGATGTAACTGAATGACTAA TGGTTATAATCTTGAAATGAGCATATGTATCCCAAAGGTTACTCCTATCTGTCCGTGACCA TAAGAAACCTTCTTTAAAGAAAACTCTGGATTCCTACTGGGATCTTGAATTTGAAAAGTA CAAAAACTCTCATTCCAAATCTGTTTCAGATCTTTCTTATTTAGACTTAGCATCTGCTGATA AGGTCTCTAATAAAGACCTTGCATTTAATTTACATATAAACACTTATCGTAGTGATCTTGGT TTTAAAGTCGCAATTCACTCTTTATCAAAAAATCGTGAGCTGCTAATACAGAACAGGAAGC TTTTGGAAGAACAAAAGCAGCAGCTGTCTGAAATTAACAACCTATCTAAGGTTGTGCGTCT CCAACGAGCTGATTTAAAGGAGACCTTGAGAAGACAGGACGTCCTTGCGAAGGAGCTTC AGGCTCTTCGTAAAGACTATCTGGAAAGGCGCCCTCTTAGCAAGGAGGACGTGGAAGAA TTGGTTGTCCGCATCTCTGAACAACCAAAAATTTATTGAAAAAACAGACGGAAGCTCTTAC TGAGGAGCTTACAAAGGAGGTTCAGGCACTGAAGCTAATCATCCATAACTTCGAACAGAA GTTACTGGGATGAGCCTGGCCGGAAGCAAGGCCACAGCAATCTATCAAGAAGCCTTGCA ATCTACTGCTGCTGGTTGGGAAGACACCGGCATCGGATTTACTGATAAAGGAGTTATCAG CAGATCACCACCATCTCGGAAGAACTAACCCAACTTCACAACCGGGTTAAAAACCTTGAA GGAAGGACAGGGTATCTGCAAGCCCCCTGTATAAATCGGAGATTGAATCCATCAACGC CAAGCTCAAAAGTATTCAAGATATACAAGGGAGTCACCCTCCAAAAGAGACCCCCTCCGG AGTTATCAAAGTTTTTGAGGATCCCTACAGCATCCTCCGCAGACTATAAATGGCGTCAAGA CCTAGAGTTTCTGGGAGCACTACCAGAACCATGATAGCAGAACCAGGGGTTCCCCTGGT GGATGATCAGATCCGGGAATACCGGAGTGCGGCCCGAGTCGCATACGAAGCACAAAGG ATTGCCAGACGCACTGGCAATATTCTTGGAAGAATTGTTGGACGACAACCAAGGGAGCAT ACCCTTGCGATGGTCGTGGACCCCAACAGTGAGCTGGAACGCTCACTGGCTCACCGGGC ACGAACAATACCTGCTGAAGTCCTTTACATGACCCAGCGCGGTGAGCCTACAAATCGGGT CTATCGGAACAGAACTGAAGAAAGGATGCTAGTGACTCATGGTCAGCAAGATAGGACTTT GGTACTCCAGGTGCGCATCCAAATTATGCACCGAACATATGATGGTACAATGGCATTAGT GGTCTTCCGTGACACCAGATGGACACAGGAGAACCACCAAGACAGATCCATTATAGCAAC CATGGAGGCTGATCTCCCCAAGGGCATCAGCTAATTTACGTCATCCCAGATATAATGAT GACTATTCGGGATTTCTACCAGCACATTCAGATAAGCATCCTTACCAAAGGATATGAAGG CTTTCAAGGAGAAGCAAATCTCCTTATTACAAGAAGCTGCCGGTGCAGATTAAGCAACGT TCCTAACGTTGGCTTCCAATACAACATCCAGAACGTCGTGGAATTCTTAAAATCTAGGGGA GTAAAAGCCCTAAATGCGACGAAATTAAGCACCAGGAGGTTCCAAGGAGGAGAATGGAA CATCCGACCATCAGAAGTGGTGGTCCCTATGCAGCCAACAACTATGATAGTACGAGTTAA TTATGACTCGTCACGAAGCATCAGATTCGGGGGATTATGAAGCTAGCACATCATCAGC CCCGAGATATGAGCAAGACGGTGATGAAGATGAAGCACTTGGTGATATCCATCAAGTAAA TATGATCACCATCATAGAAGATGATGCAGAAGATGACTACCCACGGTTATCAGCTTTAGA GCGAATAATCGCTCCAGAAAGCATGGTGGGAGAGGAGGACACAATTGCTGAATTTTTAAG CAATCTGTCCTTAGATTCCTCCACTGATGAGGAATTCTACGACGCCGACAACTCATTATTC GAAGAAGAAGAATATGATGGGGATTCCGAAGTTAGCACCCCAAGGAGCAAATACAATATA TTTGCGCTAGAAGATGAGTACCCAAAACTTCAACAGCTGGAAAGCCTGGTACTCTCCACA ACAGAGTCTGCTATCAGTCGCTTTAGACCAGCAGACACAGATATGACTGGCGTAGGCCCT GGCTACGCACCAGCAACTGGAACAGCTGGCTATACTGGAGCCAGTTCATCTGATTTCCCT TACCCTAGAAGACCAAGAAAGTGGGACAACAACTCGGAGTGGTTCAACCTACCCACCGC TAACGCGAGGCAAGCATCAATATTCGTTATGCCTCAGGATTTTGACACAAAGGTCTTTGAA

AGATGGGAAAGTTCTGTTCTCCTTCACATGTCTGACAAGGTTTTTGATGATCCACAAGACA AGTTAACTTATGTGGAAAACCTACTAGGAGAATCAGAAAAGAAGATGTTTATCACTTGGAG GATGATGTTCACAGCTGAGTACGAAGAAATGAAGAACAACGCTCTCGGCTCAAATGGAAC TCAAAATATCCTGAACCAGATCAGGATGATATTCTTTCTGGAAAATCCCCAAGTTGGAACC ACCAACACTCAAGACGCAGCATACAAGACACTCAAACAACTAGTCTGCACAGAGATGTCT GGACCTGCGATCTACAGGTACCTAAATGATTACTTCCATTTAGCGGCAAAATCTGGAAGA GCGTGGGCATCTGATGAGCTGTCCAAGGAATTCTTTACAAAACTGCCAAGGGGATTAGG GGACAGAGTTGAAAAGAAATTCAAAGAAAAGTACCCCAACAACACTATTGGAGTAGCCCC CAGAATCACCTTCACAAGAAATTATATAAAGGAAATATGCCAAGAGGCTGTATTCCAAAGC CAACTGAAAAGGCTAGATTTTTGCAAAGGGACACCCGTCCACGGCTTATATGGTAAAGAG AAGGCATATGGGAGGAAATACGGAGTCAGGAAAAGCACTTCGTACAAAGGAAAGCCTCA CAAGTCACATGTGAGGATAGATAAAAAGAAGCACCTCCTGATGAAACGAAAAGACTGCAA GTGTTTTGCTTGCGGAGATATCGGTCACTTCGCATCAGAGTGTCCGAATCCCAAGAAGCT GATGCACCGAGTTCAAATTCTACAATCCTTAGAGCTTGATGACGGAATCGACGTAATCTC CGTAGGATTTGATGAGTCAGATGTCTCAGACATCTATTCGGTATCTGAAGGCGAGGACAG CTACCAGTTCAATAATGAGGATTTTGACGTTATAGGACATGACGTGTTCATGTTCACCATT GAAGAACAAAGAAACTGCCTGGTAGAAACCACGTCAGCCTGGAGAAGTGCAATGAAAGTT ACTCCAGAAGAAAAGAATTGCTTACACACATGGAGCTTTGAGGAAAAGACAACAGACCAC TGCAGAGCCTGCAAAAATCTGGCCCTACGAGGGAGCAGAGCTGACTGCACTCAGTGTAA GATAATCATTTGCTCTTTATGCAAACCATACTATTTCCAGGATGGTTCACCTATCCCAGCA CAAAGTTCAACCCCATCAGGATACTCCTACGATGATTGGATGGGATCAGCAAATAGGTGG AAGGCACACTATGAGTTCTCTCAGGCAAGAAGGAAGAGCCTGAAGGCAGACCTTGAAAG AGCGGAAGAAGAACTAAAATTTTATAAGCAAAAGGAAAAGGAAAAGGCCAAATTAAAGGA TCAAATTCCAGAAGCAGTACAAGCAAAACTGGATGATCTGGAAAAAAGAAAAAGAGCTCAA TAACATCCTAAGAATAGAGGCTGAGACAGAGCTAAAAGCATTAAAGGAAAGCTTCAAAGA AAAGGAAGAAGCCCTGAAGGAAGAAATCACAGCTCTAGAAGAAGAAGTGAGGATACACA AAGAGGAGGCTGAAGAACTTCAGGAAGAAAATCAAAAACTCAAAGAGAAGATCATAGCCT TCGAAAAAGACGTAACACAAGGACCAGAAGAAGTGATCGAATTGGTCAATAACGTGGAGG AGCACCTGGTACTAACAGGACAACAGAAGAACAATCTCCTCAACATCAAGATAACTCTGG AAGTTAAGGAAAAAGGATTACCATGAACGCGATACTAGACACTGGAGCCGCAATCTGTG TCTGTGATGGGCAAATGGTAAACGAATATTTCAGGAGACCATCAATGATGAATGCGTTCAT TGGTAATCAATGGTTCAGAATCCCAAGGACATACATCATGCCCCAGCTATCAGAAGGCCT TCATTTCATCATCGGAATGAACTTTATCAGGGCAATGGAAGGAGGGATTCGAATTGAGCA AGGAACGGTAACCTTCTACAAAATGGTTACACAAGCACAGGCACCCCCTATGGTACACGA TATTTCTTACCTTGAAGAATTAGAATTAGAACTGCCGATTTACTATGATATCTGTGCAACTA ACCCCTCAGGAGGAGAATCAATAGTGACCTAATATCCCCCTCGGAGATCCGGAAACTAA AGGACTTAGGCTACATTGGGGAAGAGCCCTTGAAACATTGGGCTAAGAATCAAGTCAAGT GCCGAATTGAAATCAAGAACCCTGACTTAATCATTGAAGATAGGCCCTTGAAGCACGTCA CCCCAGCAATGAAAGAATCCATGAAGAAACATGTGGACAAGCTGCTGGAACTTAAGGTAA TCAGGCCATCCACAAGCAAACACCGGACGACTGCGATAATTGTTCAATCCGGTACAGAAA TTGACCCCCTCACTGGAAAAGAGAAAAGAGGGGAAAGAGAGGCTTGTATTCAACTACAAAC GCCTCAACGACAATACCGAAAAAGACCAGTATTCACTACCTGGCATCAATACAATTATCAG CAGGATCGGCAAGTCAAAAATTTACAGCAAATTTGACTTAAAATCCGGATTCCACCAGGTA GCCATGGATCCAGAAAGCATCCCATGGACGGCCTTTTGGGCCATAGATGGACTTTATGAA TGGCTAGTTATGCCATTTGGTCTGAAGAATGCGCCCGCTATATTTCAGAGAAAGATGGAC AACTGCTTCCGAGGAACGGAGGAATTCATAGCGGTATATATTGATGATATTTTAATATTCT CTGACAATATCTCTGATCACAGGAAACATCTGTCAAAATTCCTGGAGATCTGCAAGGCGA ATGGGCTGGTATTAAGCCCAACAAAAATGAAGATAGGCGCAAAGGAAATTGATTTCCTAG GAGCAACTATTGGAAACTCCAAGATCAAGCTTCAACCTCATATAATCAAGAAGATCATCGA GACAAAGGACGAGGAGCTAAAGGAAACAAAGGGGCTCAGAAAATGGTTGGGAGTCCTTA ACTATGCACGGGCATACATTCCAAATTTAGGAAAAACATTAGGCCCGCTCTACTCCAAGA CGTCAATTAATGGAGAGAAGAAGATGAACAGCCAAGATTGGAAGGTTGTTCAACTGATCA AAAATCAGGTACAAAATTTACCTGACCTTGACATACCCCCTGCAGAGGCAACTATGGTCTT AGAGACTGACGGGTGTATGGAAGGATGGGAGGAGTATGCAAATGGAAGCTCCATCCCT CTGACACAAGACTGGCAGAAAAGGTCTGTGCGTACGCAAGTGGAAGGTATCACCCCATC AAGAGCACAATTGATGCAGAGGTACACGCAGTGATCAACAGCTTAGAAAAATTCAAAATTT TAAGAAGCAAGCTGATCATAAGCCCTCAAGAACAAGGTGGCTTATGCTAATTGACTACATT GATACTCTATCAAGGCTGGTCCAAGTGCTGATCACCAAGGTTCATCATCCAGCAGAAACC CAGCTAGTCGAAGCCGTCATGGAAGTTATAAGCAATCCAAAGAAGAAGCCTTGGACAAG GTAAACCATTTTATCTTCCTAACCCAACAGTGGATTGCAGAACGCAAGGAGGAGCACACG GTGAACACGCTACTCCAGTTGGAAGAACCACAGCTGCATTGTGGTTGTAGAAACTATGAA

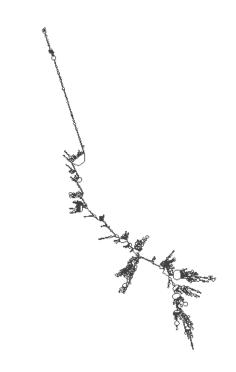
ACAGGGGAAAGAAGGAACGCGATTCTCCTACAAAGTCACACTTCAGCCAACCCGAACAG
ATGGTTCTATAAGTGTGCAGAAAACAAGTGCCACATTTGGATCTGGAAAGACATCCTGGA
CCAATATGCTGAAGATTATGCTACCTACACCAGGATAGGACTTGAAGCACTTAACCTTGAA
GATTGGTTCGAAGAACCAGAACCCGATCCACCTAACCCTGTGGACCGCCAGAGGATAGA
GGACATCCTGGACCTACTGAACGTCAGCAATGACGACTGAAAGATTCCCAGGACACCGG
CGGAAGTGGTGGACCCAGTCTAGGTGCGATGCTTAGTCGCACCGATGACTATGTCGGA
AGGCATCTTTGCTTTCGGCAAACTTTAGTAATACTTTAAGGAAAGTATTGTACAAGTTAGG
TGCAGAGACAATAATGCACCCAGCTTTAGCTTTGTTTATGGAATTATTGTGTCGGTTGCAT
TATTGGATGCCTGCGTGCACCCTAAGCAATCCCCGGCCCTCTTCTCTATAAGAGGAGCCC
TTGCAATCAGTTGCAAGCATGCAAGTTTCCCACTGCAAGCTTACTTCTGAGTTTCAGTTCA
AGTTCAATAAAATTCAAGCTTTCCTCTTACATTCTGTTCTTGAAAAGGTTCGATCTAATCGAG
CGAGTAGAGAACAAGATCTTTTGGGATTTCCGCCGTTCCA

Structure in dot-bracket format: $(1,\dots,(1)))))(1,\dots,(1))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1)))(1,\dots,(1))($

))))))))).	((((((((.((.)).)))))))).					.))))((((((((.)))))))))	((((((.((((((((((((.((
(((((((.(((.(.).))).)))))))))))))	.)))))))))))))))	((((.(((.)))))))	.)))))))).))))))	1))))).(()))	(((((((.(((.	
))).(((′)))))))))))).))))))))))))))).	.))))))))))))	((((((.)))))))	((((((((.	(((((((((((((())))))
)))	.))))))))))))((((.((())))))	.((((((.((((((((((())))))))))	((((.(((())).)))).
(((((())))))))	l))	1.)))))))((((((.(((.))).)))).)))	((((((.	.(((((((()))))))	.)))))))))))))))))))))))))))))(
(((((((((((.))))))).).)))).(((((.((((((()))))))))))	(((((.	((((((((())))))))).))	1))).	((((((.)))))).((())
))))))))))).)))))	.)))))).	.))))))))))))))).)))	.)))).(((((((((.		.)))))).)))((((((())))))).	.((((.((.))))))(())
((\ldots))))))	(((())	.))	١)		`	1)).	.)))	1111).))))	"	"((("))	1)))	1))	"))	")).ˈ	"))))	1)))	.))))	.))))	١)))`))).			

Energy: -2272.4

RNA-Structure:



Virus Domain(s)

Number of proteins:

Protein 1

Number of domains:

Aminoacidsequence:

MAGAASPCANGCGPSAPSDAEVVHLCRSLEVGTVMTLFYSKKSQRPERKTFQVKLETRQIT WSRGADKIEGAIDIREIKEIRPGKTSRDFDRYQEDPAFRPDQSHCFVILYGMEFRLKTLSLQAT SEDEVNMWIRGLTWLMEDTLQAATPLQIERWLRKQFYSVDRNREDRISAKDLKNMLSQVNY RVPNMRFLRERLTDLEQRTSDITYGQFAQLYRSLMYSAQKTMDLPFLEASALRAGERPELCR VSLPEFQQFLLEYQGELWAVDRLQVQEFMLSFLRDPLREIEEPYFFLDEFVTFLFSKENSIWN SQLDEVCPDTMNNPLSHYWISSSHNTYLTGDQFSSESSLEAYARCLRMGCRCIELDCWDGP DGMPVIYHGHTLTTKIKFSDVLHTIKEHAFVASEYPVILSIEDHCSIAQQRNMAQYFKKVLGDTL LTKPVDIAADGLPSPNQLKRKILIKHKKLAEGSAYEEVPTSVMYSENDISNSIKNGILYLEDPVN HEWYPHYFVLTSSKIYYSEETSSDQGNEDEEEPKEASGSTELHSNEKWFHGKLGAGRDGRH IAERLLTEYCIETGAPDGSFLVRESETFVGDYTLSFWRNGKVQHCRIHSRQDAGTPKFFLTDN LVFDSLYDLITHYQQVPLRCNEFEMRLSEPVPQTNAHESKEWYHASLTRAQAEHMLMRVPR DGAFLVRKRNEPNSYAISFRAEGKIKHCRVQQEGQTVMLGNSEFDSLVDLISYYEKHPLYRK MKLRYPINEEALEKIGTAEPDYGALYEGRNPGFYVEANPMPTFKCAVKALFDYKAQREDELTF TKSAIIQNVEKQEGGWWRGDYGGKKQLWFPSNYVEEMVSPAALEPEREHLDENSPLGDLLR GVLDVPACQIAVRPEGKNNRLFVFSISMASVAHWSLDVAADSQEELQDWVKKIREVAQTADA RLTEGKMMERRKKIALELSELVVYCRPVPFDEEKIGTERACYRDMSSFPETKAEKYVNKAKG KKFLQYNRLQLSRIYPKGQRLDSSNYDPLPMWICGSQLVALNFQTPDKPMQMNQALFLAGG

HCGYVLQPSVMRDEAFDPFDKSSLRGLEPCAICIEVLGARHLPKNGRGIVCPFVEIEVAGAEY DSIKQKTEFVVDNGLNPVWPAKPFHFQISNPEFAFLRFVVYEEDMFSDQNFLAQATFPVKGLK TGYRAVPLKNNYSEGLELASLLVKIDVFPAKQENGDLSPFGGASLRERSCDASGPLFHGRAR EGSFEARYQQPFEDFRISQEHLADHFDGRDRRTPRRTRVNGDNRL

Starting nucleotide position:

1

Ending nucleotide position: 1337



Domain 1

Starting aminoacid position:

245

Ending aminoacid position:

318

Domain description:

Phosphoinositide-specific phospholipase C, efhand-like

Identifier:

EF-hand like

Domain 2

Starting aminoacid position:

322

Ending aminoacid position:

465

Domain description:

Phosphatidylinositol-specific phospholipase C, X domain

Identifier:

PI-PLC-X

Domain 3

Starting aminoacid position:

550

Ending aminoacid position:

639

Domain description:

SH2 domain

Identifier:

SH₂

Domain 4

Starting aminoacid position:

668

Ending aminoacid position:

741

Domain description: SH2 domain
Identifier: SH2
Domain 5
Starting aminoacid position: 797
Ending aminoacid position: 843
Domain description: SH3 domain
Identifier: SH3_1
Domain 6
Starting aminoacid position: 952
Ending aminoacid position: 1070
Domain description: Phosphatidylinositol-specific phospholipase C, Y domain
Identifier: PI-PLC-Y
Domain 7
Starting aminoacid position: 1090
Ending aminoacid position: 1177
Domain description: C2 domain
Identifier: C2