

Présentation de l'avancement du projet

Florian CHARRIAT
03 Avril 2018

Résumé

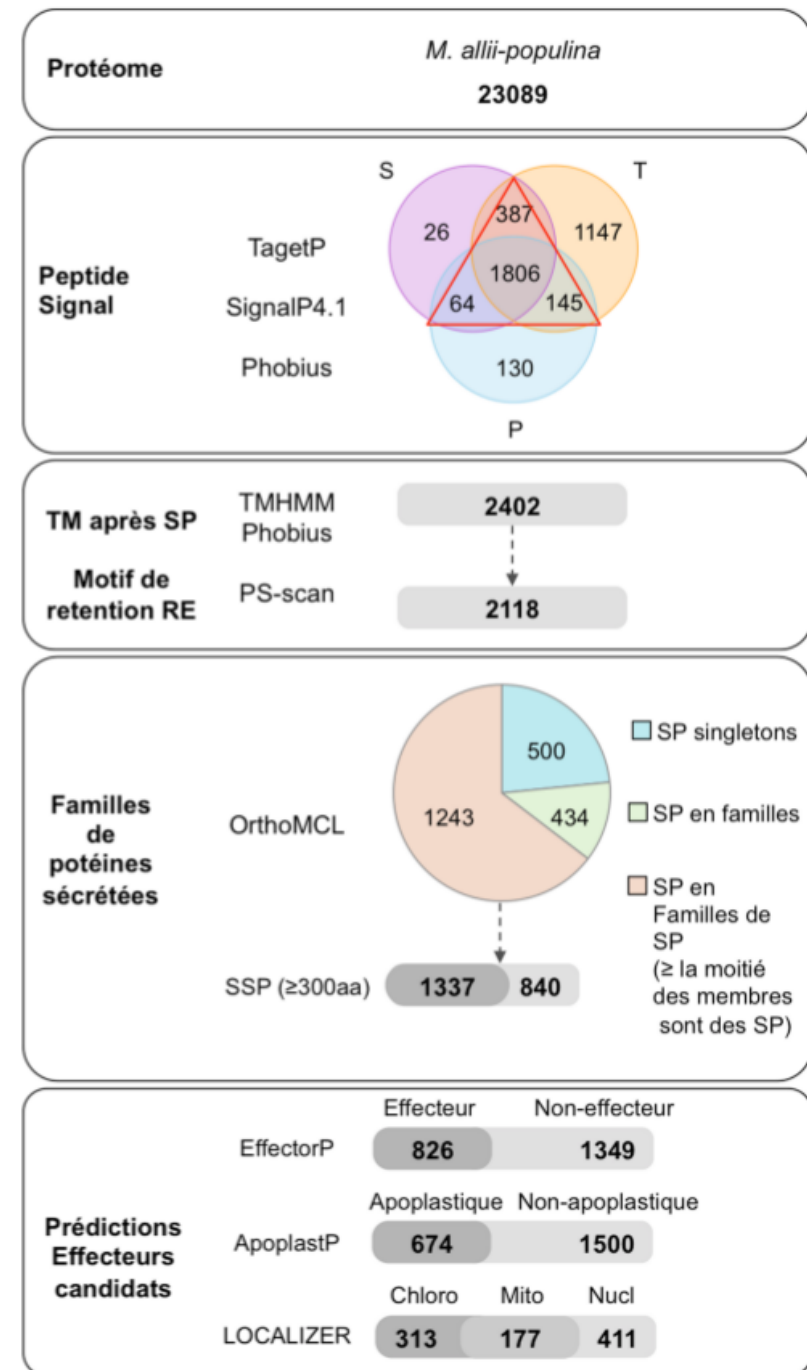
- Assemblage :
 - Utilisation outils ABYSS
 - 67 souches sélectionnées
 - 30 souches en cours de séquençage
- RepeatMasker :
 - 4.67 à 8.18 % des séquences masquées
 - Certains scaffolds ne sont constitués que d'éléments répétés
- Souches disponible :
 - 67 souches assemblé précédemment
 - 85 souches de la littérature
 - 4 souches PacBio

Annotation

- Braker :
 - Input :
 - Assemblage au format Fasta
 - Alignement de RNAseq sur le genome au format Bam ou fichier gff des intron issue de ce RNA seq
- Annotation :
 - Création d'un fichier gff des introns :
 - Bam2hints : hints issue de l'alignement des RNAseq
 - Exonerate : hints issues de l'annotation des protéines de la souche 70-15

Recherche de protéines sécrétées

Tableau 1: Pipeline de prédiction du secretome de Cecile Lorrain



Comparison outils

Measure	SignalP 4.1	SignalP-NN 3.0 (D- Score)	SignalP-HMM 3.0	SignalP-NN 2.0	Signal-HMM 2.0	Phobius	TargetP 1.1	WoLF PSORT	ProtComp 9.0
Sensitivity	94.9%	95.6%	95.8%	95.6%	95.8%	95.4%	95.1%	88%	63.3%
Specificity	99.7%	99.6%	98.4%	99.4%	98.2%	98.7%	98.3%	99.8%	97.2%
MCC	0.96	0.96	0.94	0.96	0.94	0.94	0.93	0.91	0.68

Tableau 2: Performance of secretion prediction tools applied to secreted fungal proteins sourced from SwissProt. Table issue de *Evaluation of secretion prediction highlights differing approaches needed for oomycete and fungal effectors* [1]

[1] Sperschneider J, Williams AH, Hane JK, Singh KB, Taylor JM. 2015. Evaluation of secretion prediction highlights differing approaches needed for oomycete and fungal effectors. Front Plant Sci 6:1168. doi:10.3389/fpls.2015.01168.