

Analyse d'une séquence de la séquence de Uniprot/trEMBL Q0U8Y8

Introduction

- Séquence UniPROT Q0U8Y8
- TREMBL = Traduction automatique des CDS

Récupération des données

Names and origin	
Protein names	Submitted name: Putative uncharacterized protein (EMBL EAT80820.2)
Gene names	ORF Names:SNOG_11776 (EMBL EAT80820.2)
Organism	Phaeosphaeria nodorum (strain SN15 / ATCC MYA-4574 / FGSC 10173) (Glume blotch fungus) (Septoria nodorum) [Reference proteome]
Taxonomic identifier	321614 [NCBI]
Taxonomic lineage	Eukaryota > Fungi > Dikarya > Ascomycota > Pezizomycotina > Dothideomycetes > Pleosporomycetidae > Pleosporales > Pleosporineae > Phaeosphaeriaceae > Parastagonospora > Employedae > Plaeosporales > Pleosporales > Pleosporineae > Phaeosphaeriaceae > Parastagonospora > Employedae > Pleosporales > Pleosporales > Pleosporales > Pleosporales > Plaeosphaeriaceae > Plaeo
Protein attributes	
Protein attributes Sequence length	482 AA.
	482 AA. Complete.
Sequence length	
Sequence length Sequence status	Complete. Inferred from homology
Sequence length Sequence status Protein existence	Complete. Inferred from homology

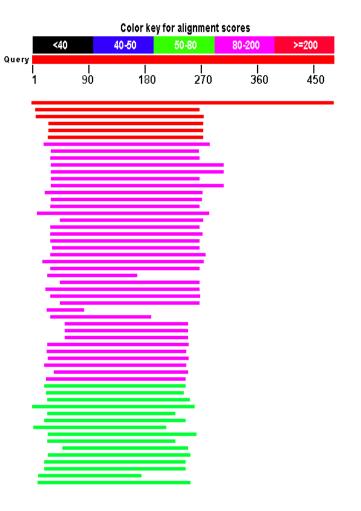
Comparaison nr protéique : BLAST

• Résultats :

– Query cover : 50%

– Match : péroxydase

2^{nde} partie ne match pas



Refseq

 Recherche plus précise : contre les genomes de Fungi, Ascomycètes de type Pezizomycotina

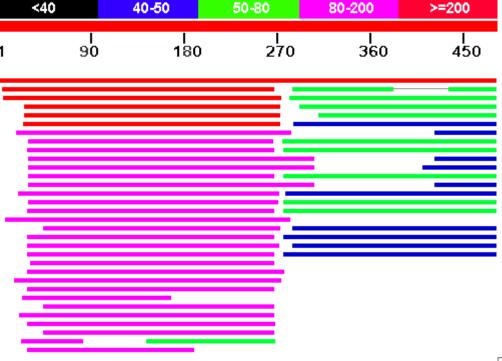
Query

• Résultats :

Match sur la

Deuxième partie:

IBR domain



Color key for alignment scores

Problème

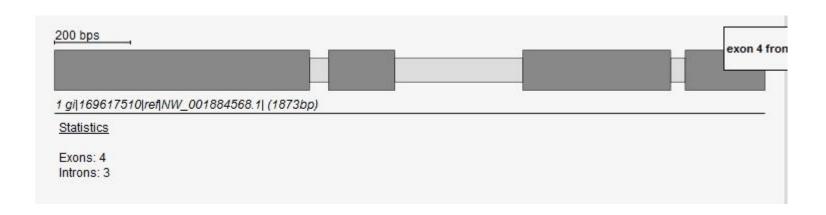
- Deux domaines apparaissent : peroxydase et IBR domain
- Deux hypothèses:
 - Biais biologique
 - Mauvaise annotation

Focus: mauvaise annotation

- Deux possibilités :
 - Deux protéines
 - Une seule protéine mais plus courte
- Outils de recherche d'une autre annotation :
 - WebScipio, GeneSeger
 - FGeneSH, GeneMark

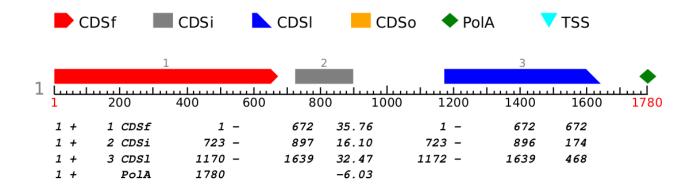
Prédiction par similarité

- Résultats :
 - 4 exons



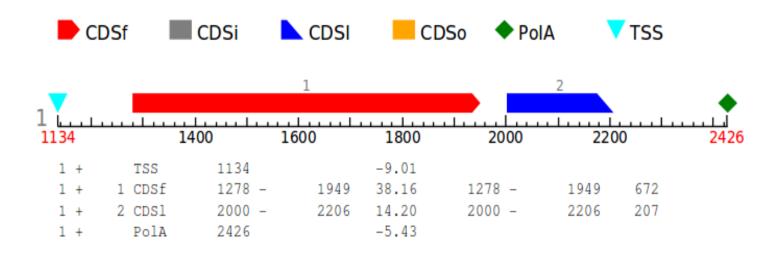
Prédiction pure

- Résultats :
 - Deux premiers exons similaires
 - Différence sur la deuxième partie : un exon



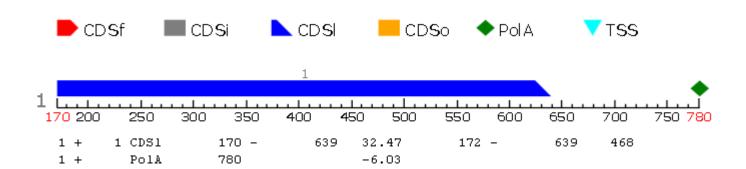
Annotation de la peroxydase

- Résultat :
 - FGeneSH



Annotation du domaine IBR

- FGeneSH, GeneMark
 - -1 exon



Conclusion

- Peroxydase : 2 exons
- Hypothèses de deux protéines
 - IBR domain : 1 exon
- Hypothèse d'une protéine plus courte

Fin