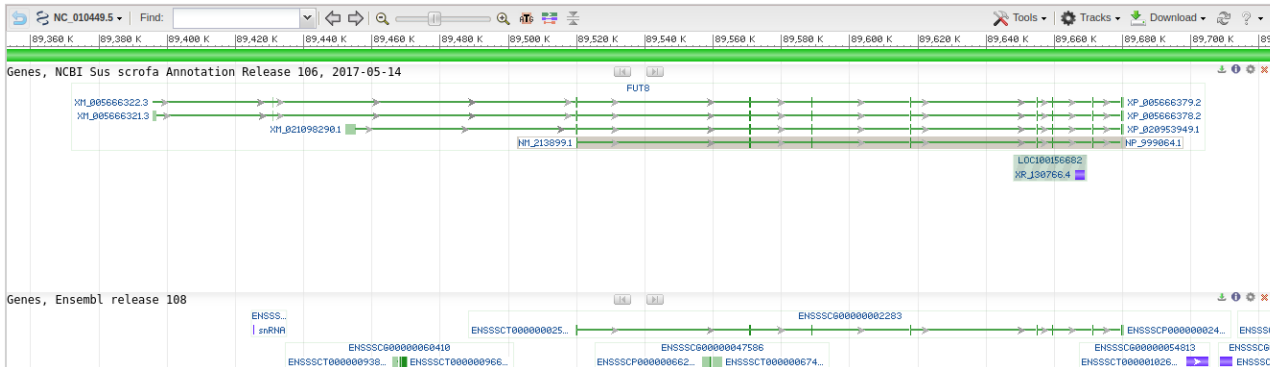


Fut8

Annotation actuelle

[Annotations ensembl et ncbi sur ncbi \(Ensembl\)](#)



- Remarque : Gène très long avec beaucoup d'introns
- Même nombre d'exons et d'introns, seule différence au niveau de la CDS (conséquence : protéine de 575 AA pour NCBI, 581 pour Ensembl)

Alignement protéines (proteins.clustal_num) et CDSs (cds.clustal_num) ensembl vs. ncbi

Séquences presque identiques (différence de nt ponctuelle) jusqu'à insertion d'un nucléotide vers la fin

gène	CATATCCGAGGC
CDS ensembl	CATATCCGAGGC
CDS ncbi	CATATCCGAGGC

Protéine

Sur [UniProt](#), vérifiée (Swiss Prot) : longueur de 575 AA (même longueur que [FUT8 humaine](#))

[Protéine Ensembl](#) : non vérifiée, présence d'un domaine supplémentaire coiled coils au début de la protéine obtenu par annotation automatique

2 domaines principaux :

- GT23 (206-493)
- SH3 (502-563)

Hypothèse :

- Sur le vcf, on remarque que beaucoup d'individus ont exactement 1 insertion d'un nucléotide dans ce gène dans l'exon 9 => décalage du cadre de lecture menant à un gain de codon STOP ?
- Contrairement à FUT1, cette insertion n'est pas présente chez tous les individus

Haplotypes trouvés

Réf – Hap 1	TAT	CCG	AGG	CTG	ACA	AGT	AAA	GCT
	Y	P	R	L	T	S	K	A
Hap 2	TAT	CCC	GAG	GCT	GAC	AAG	TAA	AGCT
	Y	P	E	A	D	K	-	
Hap 3	TAT	CCT	GAG	GCT	GAC	AAG	TAA	AGCT
	Y	P	E	A	D	K	-	

- Remarque : Les haplotypes 2 et 3 donnent une protéine correspondant à la protéine Uniprot

