

## Travaux pratiques numéro 2: domaines, PTM et localisation subcellulaire

### Objectif:

1) Identifier la présence de **domaines** (domaines transmembranaires, domaines annotés dans InterPro) et **PTM** (phosphorylation, glycosylation, etc.) dans la protéine humaine et ses orthologues.

2) Examiner la **localisation subcellulaire** (y compris la séquence signal et le peptide de transit)

### Stratégie

•Vérifiez les **annotations dans UniProtKB** pour **l'humain** et les **orthologues** (organisme modèle). Les «annotations» font référence à: localisation subcellulaire, PTM, peptides de transit, séquences signal, domaines transmembranaires, domaines annotés dans InterPro

•Identifier si ces annotations sont **expérimentales** ou basées sur des **prédictions**

•Si nécessaire, exécutez des **outils de bioinformatique** pour prédire la localisation subcellulaire ou les domaines. Par exemple:

- Si les PTM annotés et la localisation subcellulaire sont en **conflit**
- S'il y a une localisation subcellulaire ou un PTM **annotée dans certains organismes mais pas dans d'autres** (les entrées TrEMBL n'ont pas le même niveau d'annotation que les entrées Swiss-Prot)
- S'il n'y a **aucune localisation subcellulaire** annotée du tout

•Quel (s) programme (s)?

Dépend de chaque cas. Essayez d'abord avec un qui intègre plusieurs stratégies de prédiction. Par exemple **WolfPSORT** pour localisation subcellulaire et **ScanProsite** pour les motifs et les sites (phosphorylation, glycosylation..par exemple)

Si vous avez le temps et souhaitez explorer d'autres outils, vous pouvez le faire. Indiquez toujours le programme et les scores. À la fin du document, vous trouverez une liste non exhaustive centrée principalement sur la prédiction de localisation subcellulaire. D'autres outils ont également été mentionnés dans le cours théorique, notamment la prédiction de PTM.

### 1) Informations annotées sur les bases de données

Indiquez **exp** (expérimental), **pred** (prédiction), **source** (base de données; PMID)

	Localisation subcellulaire (mitochondries, noyau, ER, Golgi, membrane, séquence signal, peptide de transit...)	Domaines (transmembranaire, domaine interPro)	PTM (, pho
<i>H.sapiens</i>			
<i>M. musculus</i>			

<i>G. gallus</i>			
<i>D. rerio</i>			
<i>X.tropicalis</i>			
<i>X.laevis</i>			
<i>D. melanogaster</i>			
<i>C. elegans</i>			
<i>S.cerevisiae</i>			
<i>A.thaliana</i>			

**2) Prédications (outils bioinformatiques que vous exécutez)**

Indiquez le programme et les scores

	Nom du programme	Nom du programme			
<i>H.sapiens</i>					
<i>M. musculus</i>					
<i>G. gallus</i>					
<i>D. rerio</i>					
<i>X.tropicalis</i>					
<i>X.laevis</i>					
<i>D. melanogaster</i>					
<i>C. elegans</i>					
<i>S.cerevisiae</i>					
<i>A.thaliana</i>					

**3) Questions**

1) Avez-vous toujours trouvé les évidences des annotations affichées dans UniProt (PMID, programme de prédiction)? Sinon, indiquez quand

.....

2) Avez-vous trouvé des annotations (expérimentales ou prévues) qui sont en conflit. Par exemple: modifications post-traductionnelles non compatibles avec la localisation subcellulaire?

.....

3) Avez-vous trouvé plus d'une localisation subcellulaire?

.....

4) Pour les PTM, les positions sont-elles conservées parmi les orthologues (vous pouvez regarder l'alignement) ?

.....

#### 4) **Résumé**

- Localisation(s) subcellulaire expérimentale(s) identifiée(s): organisme, techniques, référence de papier ou autre base de données

.....

- PTM expérimental: organisme, technique, référence de papier ou autre base de données

.....

- Prédiction PTM annotées dans les bases de données

.....

- Localisation subcellulaire prédite (et / ou peptide signal, peptide de transit) annotée dans les bases de données: indiquez si vous avez identifié la source

.....

- Localisation subcellulaire prédite (et / ou peptide signal, peptide de transit) obtenue par les programmes que vous avez exécutés: indiquez le programme, si la prédiction est conservée parmi les orthologues et ce que vous en concluez

.....

- Domaines décrits dans InterPro: la fonction

.....

**Conclusion:** où se localise la protéine, quels sont les PTM, s'il y a des domaines et la fonction, si vous avez trouvé des conflits et que concluez-vous

.....

**Alignement:** indiquez dans votre alignement les sites et domaines que vous avez trouvés

#### **Programmes de prédiction (non exhaustifs)**

##### **Général**

WoLFPSORT <https://wolfpsort.hgc.jp/>

DeepLoc <http://www.cbs.dtu.dk/services/DeepLoc/>  
 LocTree <https://roslab.org/services/loctree3/>  
 BUSCA <http://busca.biocomp.unibo.it/>  
 HPSLPred (human) <http://server.malab.cn/HPSLPred/>  
 Hum-mPLoc 2.0 (human) <http://www.csbio.sjtu.edu.cn/bioinf/hum-multi-2/>

**Signal peptide and transit peptide**

TargetP2 <http://www.cbs.dtu.dk/services/TargetP/>  
 iPSORT <http://ipsort.hgc.jp/>

**Signal sequence**

SignalP-5.0 <http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/index.php>

**Signal sequence and transmembrane domain**

Phobius <http://phobius.sbc.su.se/>

**Transmembrane domain**

TMHMM <http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>

**Mitochondria**

MitoProt II - v1.101 <https://ihg.gsf.de/ihg/mitoprot.html>

MitoFates <http://mitf.cbrc.jp/MitoFates/cgi-bin/top.cgi>

DeepMito <http://busca.biocomp.unibo.it/deepmito/>

**Nucleus**

NucPred <https://nucpred.bioinfo.se/cgi-bin/single.cgi>

cNLS Mapper [http://nls-mapper.iab.keio.ac.jp/cgi-bin/NLS\\_Mapper\\_form.cgi](http://nls-mapper.iab.keio.ac.jp/cgi-bin/NLS_Mapper_form.cgi)

NLStradamus (NLS) <http://www.moseslab.csb.utoronto.ca/NLStradamus/>

SecNLS <http://mleg.cse.sc.edu/seqNLS/>

PredictProt <https://predictprotein.org/>

NLSdb (NLS) <https://roslab.org/services/nlsdb/>

netNES <http://www.cbs.dtu.dk/services/NetNES/>

LocNES (NES) <http://prodata.swmed.edu/LocNES/LocNES.php>

**GPI-anchor**

PredGPI <http://gpcr.biocomp.unibo.it/predgpi/pred.htm>

GPI-SOM <http://gpi.unibe.ch/>

**Glycosylation**

NetNGlyc <http://www.cbs.dtu.dk/services/NetNGlyc/>

NetOGlyc <http://www.cbs.dtu.dk/services/NetOGlyc/>

**Motifs (glycosylation, phosphorylation, myristoylation....)**

ScanProsite <https://prosite.expasy.org/scanprosite/>

Questions from students	Answers from tutors

