

Введение в анализ NGS

Блок 13 – Занятие 15

Анастасия Жарикова

Протокол



Все файлы храним и анализируем в архивированном виде!

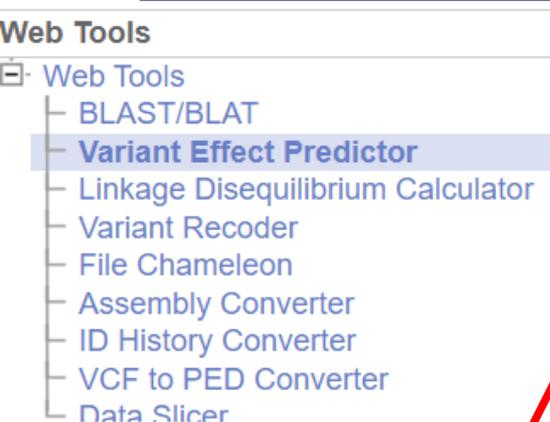
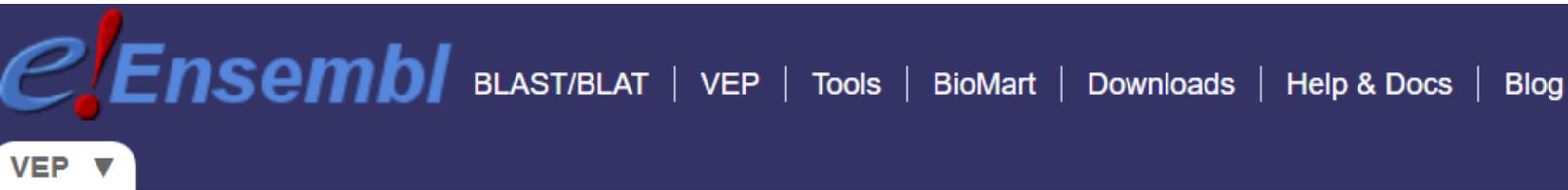
Что дальше?

- Что делать с набором вариантов?

Variant Effect Predictor



- [VEP](#)
- На вход можно подать vcf файл с вариантами



Variant Effect Predictor ?

New job

Recent jobs

Refresh



VEP



New job

Species:

 Homo_sapiens X

Assembly: [GRCh38.p14](#)

[Change species](#)

Name for this job (optional):

Input data:

Either paste data:

Examples: [Ensembl default](#), [VCF](#), [HGVS notations](#), [SPDI](#)

Or upload file:

Файл не выбран

Or provide file URL:



VEP



- При загрузке файла создается новый процесс

A screenshot of the VEP web interface. The top navigation bar has 'Analysis' and 'Jobs' tabs. Below, the 'Jobs' section shows a single entry: 'Variant Effect Predictor' with a small profile icon, followed by the text 'VEP analysis of doom_1_sample_het_hom.vcf in Homo_sapiens' and a grey button labeled 'Queued'.

- Аннотация занимает какое-то время
- Дождитесь статуса **Done**

A screenshot of the VEP web interface showing the same job as the previous screenshot, but now completed. The status button is green and labeled 'Done', and a blue link labeled 'View results' is visible to its right. A red arrow points from the bottom right towards the 'View results' link.

VEP



- **Job details** – отображает все настройки и предоставляет команду для аналогичного анализа на вычислительном кластере

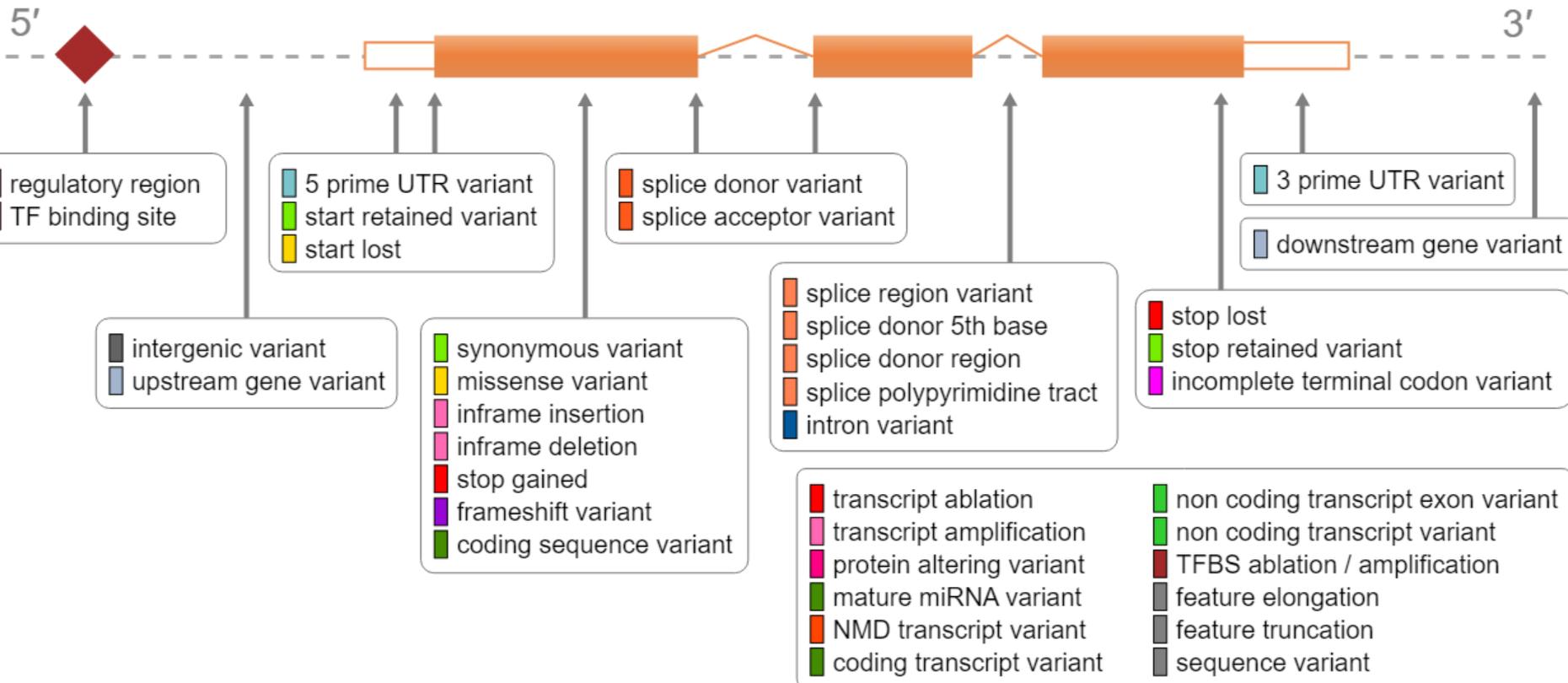
Фильтрация

- Техническая
 - До аннотации можно удалить варианты
 - С низким покрытием
 - С низким качеством
 - ...
- Смысловая
 - Это самое интересное
 - Предложите 5 вариантов приоритизации вариантов

VEP



- Consequences

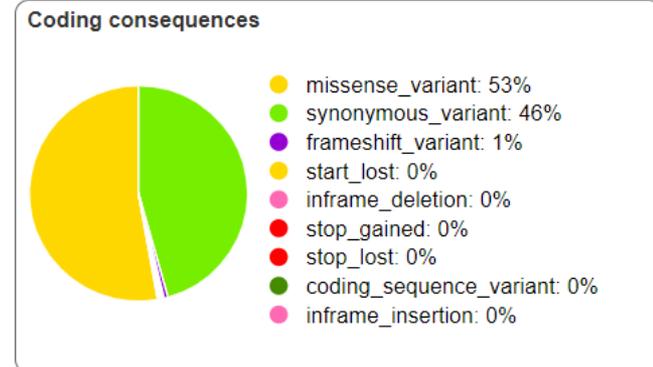
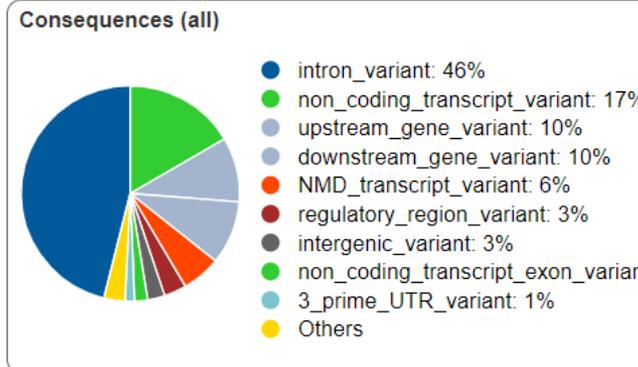


VEP



- Summary statistics

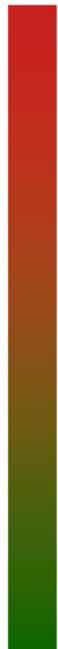
Category	Count
Variants processed	34350
Variants filtered out	0
Novel / existing variants	6 (0.0) / 34344 (100.0)
Overlapped genes	9179
Overlapped transcripts	47336
Overlapped regulatory features	4771



VEP



<i>IMPACT</i>	<i>Consequence examples</i>	<i>Description</i>
HIGH	splice_acceptor_variant, splice_donor_variant, stop_gained, stop_lost, start_lost	The variant is assumed to have high (disruptive) impact in the protein, probably causing protein truncation, loss of function or triggering nonsense mediated decay
MODERATE	inframe_insertion, inframe_deletion, missense_variant	A non-disruptive variant that might change protein effectiveness
LOW	splice_region_variant, synonymous_variant	A variant that is assumed to be mostly harmless or unlikely to change protein behaviour
MODIFIER	5_prime_UTR_variant, 3_prime_UTR_variant, intron_variant, TFBS_ablation	Usually non-coding variants or variants affecting non-coding genes, where predictions are difficult or there is no evidence of impact

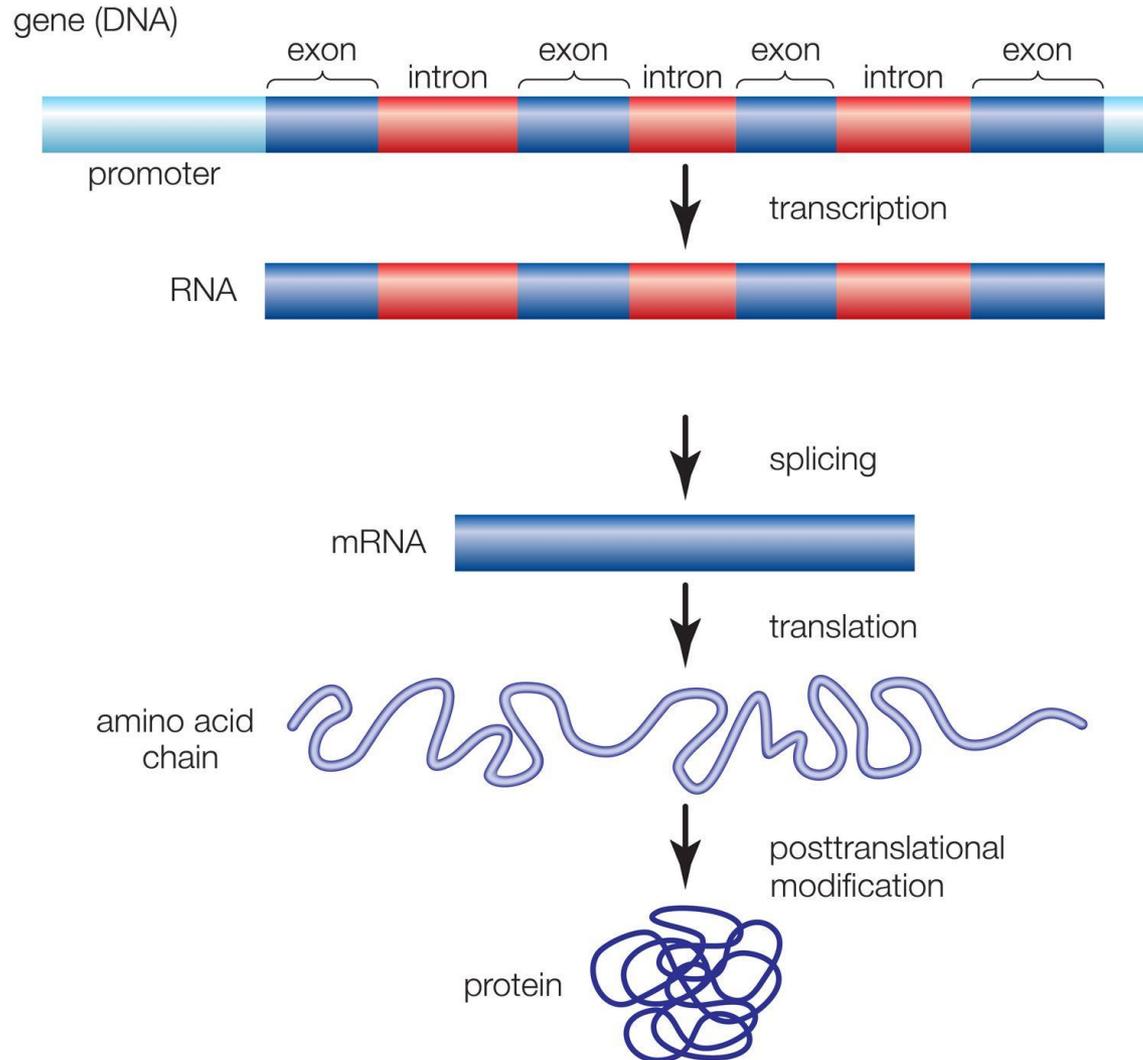


VEP

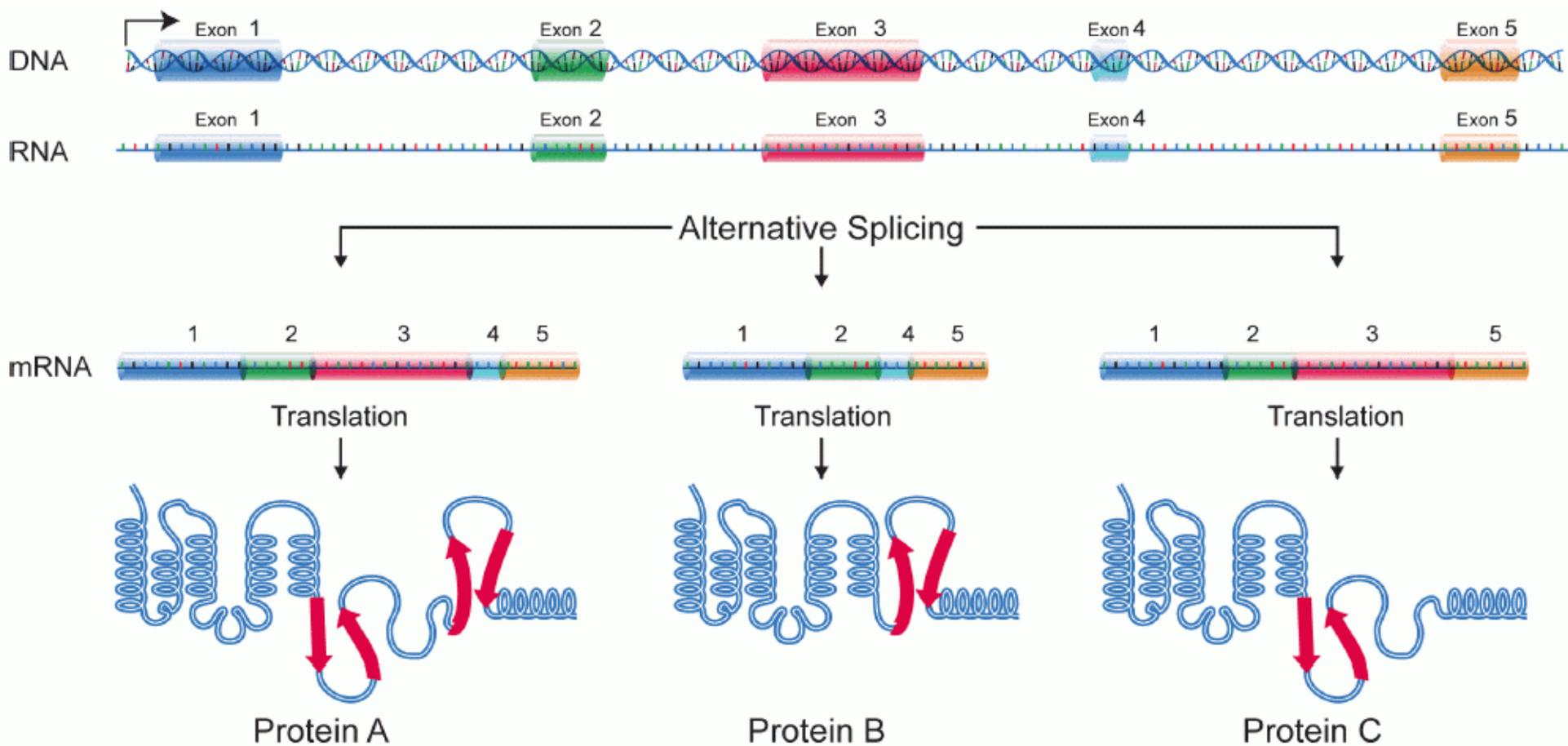


- [HGVC](#)
- Рекомендации по описанию геномных вариантов
- Единая система описания вариантов позволяет присваивать уникальное и однозначное «имя» варианту
 - HGVS_c - ENST00000320048.1:c.819T>A
 - HGVS_p - ENSP00000321506.1:p.Tyr273Ter

Структура гена



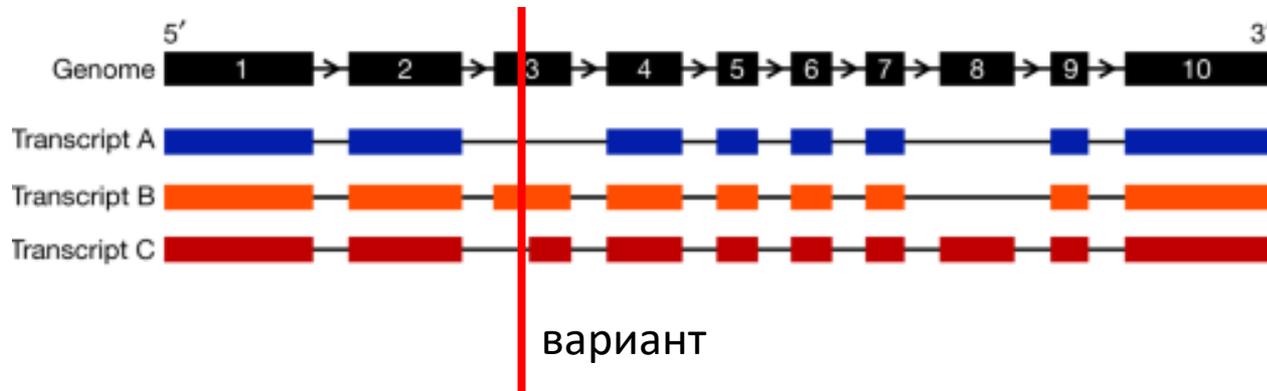
Альтернативный сплайсинг



Чем аннотировать варианты?

- Экзон или интрон
- Приводит ли к замене аминокислоты
- Приобретение или потеря STOP-кодона
- Функциональные локусы
 - Сайт сплайсинга
 - Сайт связывания транскрипционного фактора
- ...

Экзон или интрон?



Для транскрипта А – интронный вариант

Для транскрипта В – экзонный вариант

Для транскрипта С – сайт сплайсинга

MANE

- Matched Annotation from NCBI and EBI
- Целью аннотации является разрешение проблемы множественных транскриптов
- Для каждого гена представлен один транскрипт, удовлетворяющий ряду условий

Что из этого название гена?

- A1BG
- alpha-1-B glycoprotein
- ENSG00000121410
- ENST00000263100.8
- NM_130786
- P04217

- Почему так много?!

Номенклатуры

- A1BG - symbol
- alpha-1-B glycoprotein - name
- ENSG00000121410 – Ensembl (gene)
- ENST00000263100.8 – Ensembl (transcript)
- NM_130786 – Refseq
- P04217 – UniProt/Swiss-Prot

HUGO Gene Nomenclature Committee

- Утвержденная номенклатура генов человека

Protein-coding gene	19392	Pseudogene	14749
		Immunoglobulin pseudogene	203
Non-coding RNA	9303	Pseudogene	14509
RNA, cluster	127	T cell receptor pseudogene	37
RNA, long non-coding	5867	Other	1547
RNA, micro	1970	Complex locus constituent	70
RNA, misc	29	Endogenous retrovirus	117
RNA, ribosomal	60	Fragile site	118
RNA, small nuclear	58	Immunoglobulin gene	230
RNA, small nucleolar	569	Readthrough	148
RNA, transfer	615	Region	82
RNA, vault	4	T cell receptor gene	206
RNA, Y	4	Transposable element	4
Phenotype	569	Unknown	564
		Virus integration site	8

HGNC

HGNC data for A1BG

Approved symbol [?](#) A1BG

Approved name [?](#) alpha-1-B glycoprotein

Locus type [?](#) gene with protein product

HGNC ID [?](#) HGNC:5

Symbol status [?](#) Approved

Chromosomal location [?](#) 19q13.43

Gene groups [?](#) Immunoglobulin like domain containing

Gene resources for A1BG [?](#)

Ensembl [ENSG00000121410](#) [Curated](#)

[Ensembl region in detail](#),
[Ensembl gene sequence](#)

UCSC [uc002qsd.5](#)

NCBI Gene [1](#) [Curated](#)

Alliance of Genome
Resources [HGNC:5](#)

Nucleotide resources for A1BG [?](#)

[MANE Select](#) [NM_130786.4](#)
[ENST00000263100.8](#)

CCDS [CCDS12976](#) [Curated](#)

RefSeq [NM_130786](#) [Curated](#)
[NCBI sequence viewer](#)

HGNC

- Полезное для медицинской геномики

Clinical resources for A1BG ?

OMIM 138670 ↗	MedlinePlus Search via A1BG ↗
DECIPHER Search via A1BG ↗	ClinGen Search via HGNC:5 ↗
Genetic Testing Registry Search via NCBI Gene ID 1 ↗	ClinVar Search via NCBI Gene ID 1 ↗
dbVar Search via NCBI Gene ID 1 ↗	

- Справочная информация

Other resources for A1BG ?

AmiGO Search via P04217 ↗	QuickGO Search via P04217 ↗
BioGPS Search via NCBI Gene ID 1 ↗	GeneCards Search via HGNC:5 ↗
Monarch Search via HGNC:5 ↗	WikiGenes Search via NCBI Gene ID 1 ↗

HGNC

- Полезное для филогенетики

Report **HCOP homology predictions**

 <p>Human</p>	<p>Approved symbol A1BG ⓘ</p> <p>Approved name alpha-1-B glycoprotein ⓘ</p> <p>Locus type gene with protein product ⓘ</p> <p>Chromosomal location 19q13.43</p> <p>Gene resources HGNC:5 e!ENSG00000121410 1</p>	
 <p>Chimp</p> <p>reciprocal search ⓘ</p>	<p>Gene symbol A1BG ⓘ</p> <p>Gene name alpha-1-B glycoprotein ⓘ</p> <p>Locus type protein_coding ⓘ</p> <p>Chromosomal location 19</p> <p>Gene resources e!ENSPTRG00000011588 742390</p>	<p>Assertion derived from:</p> 
 <p>Macaque</p> <p>reciprocal search ⓘ</p>	<p>Approved symbol A1BG ⓘ</p> <p>Approved name alpha-1-B glycoprotein ⓘ</p> <p>Locus type gene with protein product ⓘ</p> <p>Chromosomal location 19</p> <p>Gene resources VGNC:69569 e!ENSMMUG00000012459 712737</p>	<p>Assertion derived from:</p> 
 <p>Macaque</p> <p>reciprocal search ⓘ</p>	<p>Approved symbol AFF1 ⓘ</p> <p>Approved name ALF transcription elongation factor 1 ⓘ</p> <p>Locus type gene with protein product ⓘ</p> <p>Chromosomal location 5</p> <p>Gene resources VGNC:69817 e!ENSMMUG00000014076 700733</p>	<p>Assertion derived from:</p> 

+ еще много организмов ниже!

UniProtKB

Retrieve/ID mapping

Сервис позволяет перевести список ID из одной номенклатуры в другую

Retrieve/ID mapping

Enter one or more IDs (100,000 max). You may also [load from a text file](#). Separate IDs |

P31946 P62258 ALBU_HUMAN EFTU_ECOLI

From database

UniProtKB AC/ID ▾

To database

UniProtKB ▾

Name your ID Mapping job

"my job title"

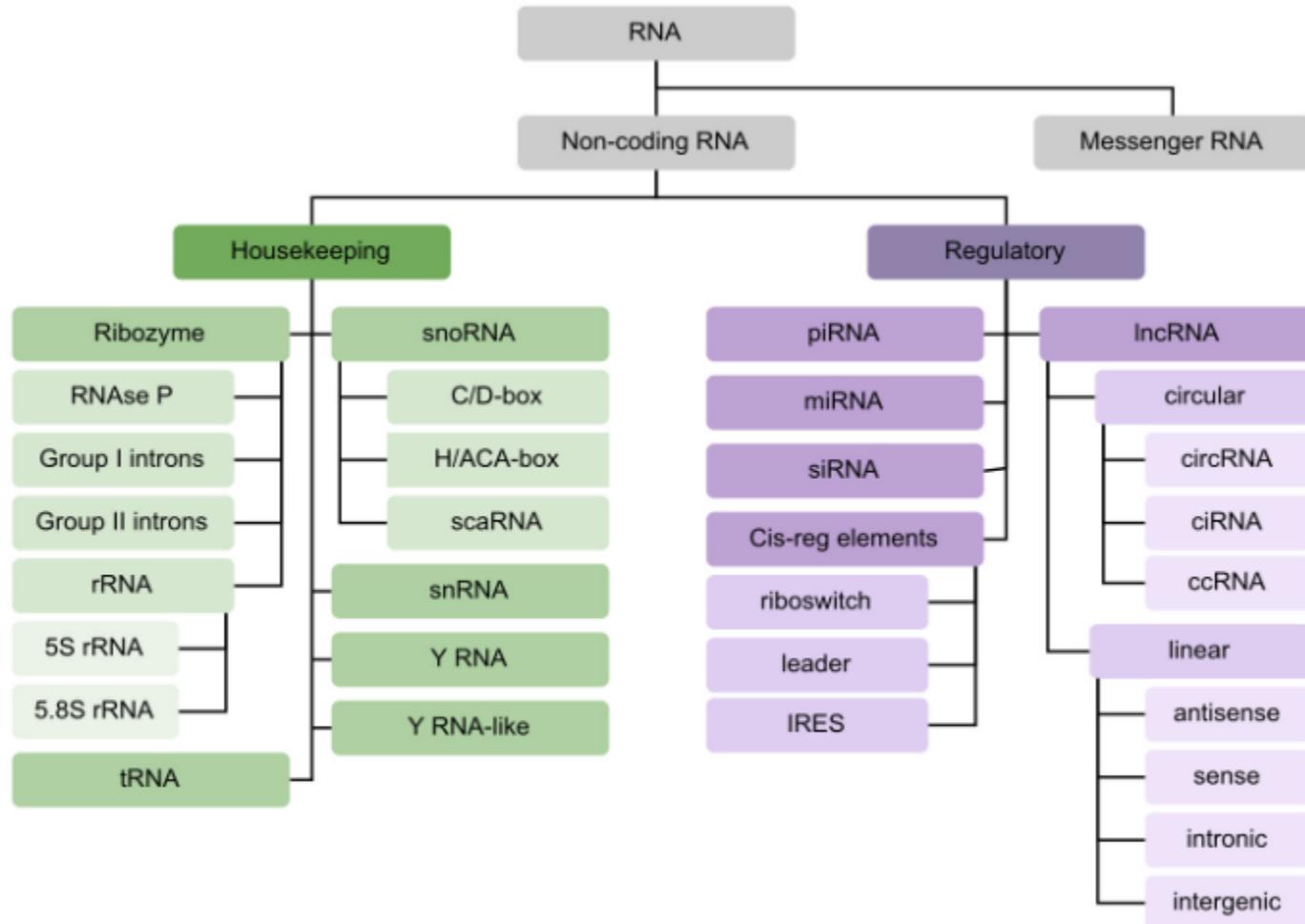
Типы РНК в клетке

- Какие вы знаете?
- По какому принципу может идти деление?

Группы РНК в клетке

- Тотальная РНК
- полиА
- Без фракции рРНК
- По размеру
 - Малые: микроРНК, пиРНК, мяРНК, ...
 - Длинные
- По внутриклеточной локализации
 - Ядерные
 - Цитоплазматические
 - Ассоциированные с хроматином

Варианты классификации РНК



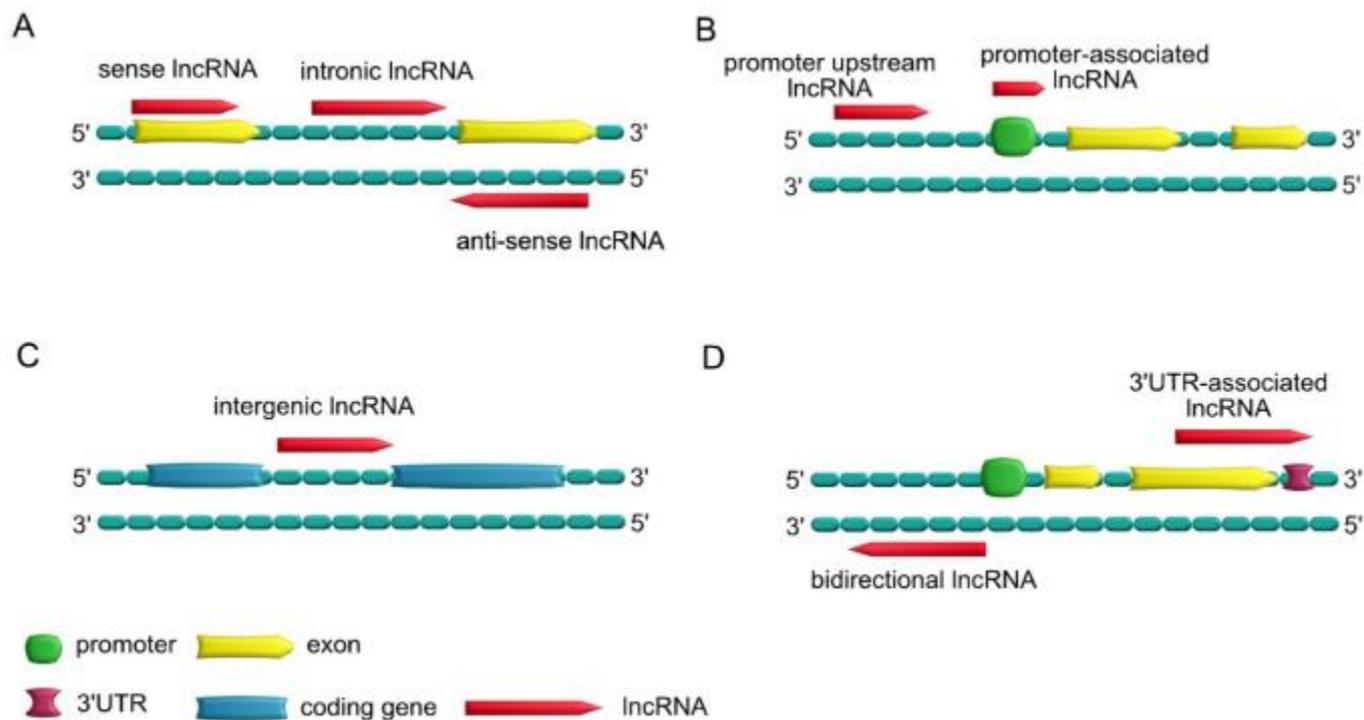
Варианты классификации нкРНК



snoRNA: small nucleolar RNAs;
 tiRNA: transcription initiation RNA;
 snRNA: small nuclear RNA;
 scRNA: small cytoplasmic RN;
 PROMPTs: promoter upstream transcripts;
 rRNAs: ribosomal RNAs;
 tRNAs: transfer RNAs;
 miRNA: micro RNA;
 piRNA: piwi RNA;
 siRNA: small interfering RNA;
 crasiRNA: centromere repeat-associated small interacting RNA;
 telsRNA: telomere-specific small RNA;
 lincRNA: long intergenic noncoding RNA;
 eRNA: enhancer-derived RNA;
 TUCRNA: transcribed ultraconserved RNA;
 NAT: natural antisense transcript;
 cis-lncRNA: cis-acting long non-coding RNA;
 ceRNA: competing endogenous RNA;
 trans-lncRNA: trans-acting long non-coding RNA

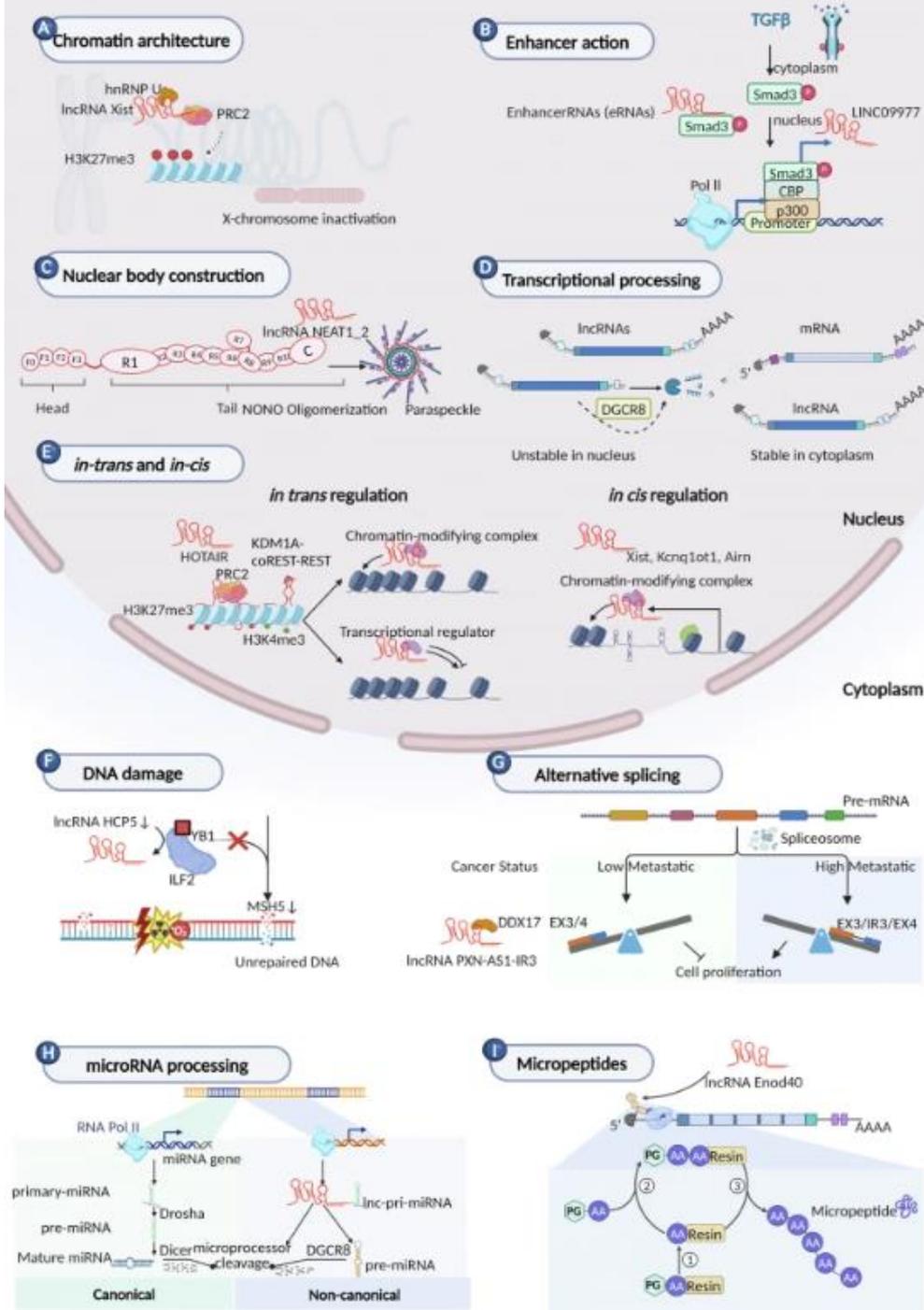
[ref](#)

Примеры нкРНК

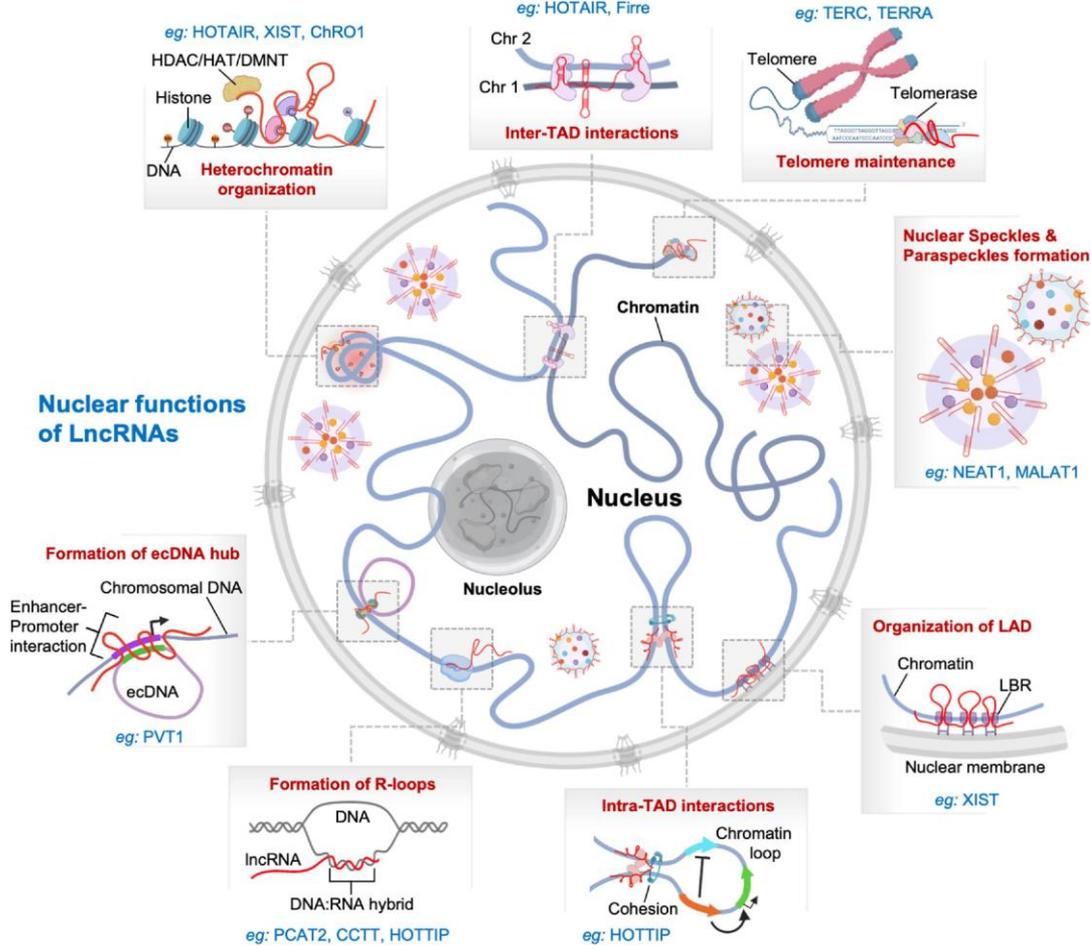


Некодирующие РНК

Находят новые классы нкРНК
Уточняют функции известных нкРНК

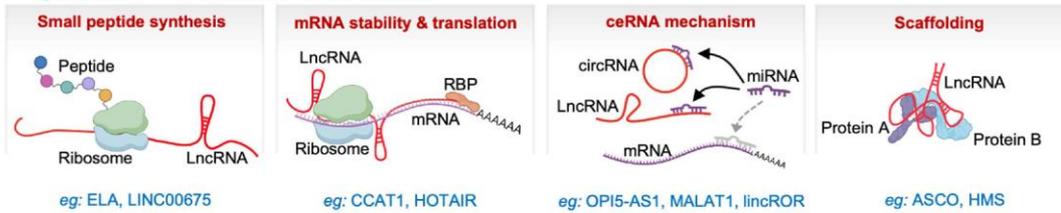


[ref](#)



Некодирующие РНК

Cytoplasmic functions of LncRNAs



Extracellular functions of LncRNAs



[ref](#)

Задача

- Секвенировать транскриптом
- Но в секвенатор нужно подавать ДНК-библиотеку
- Как быть?

Процесс

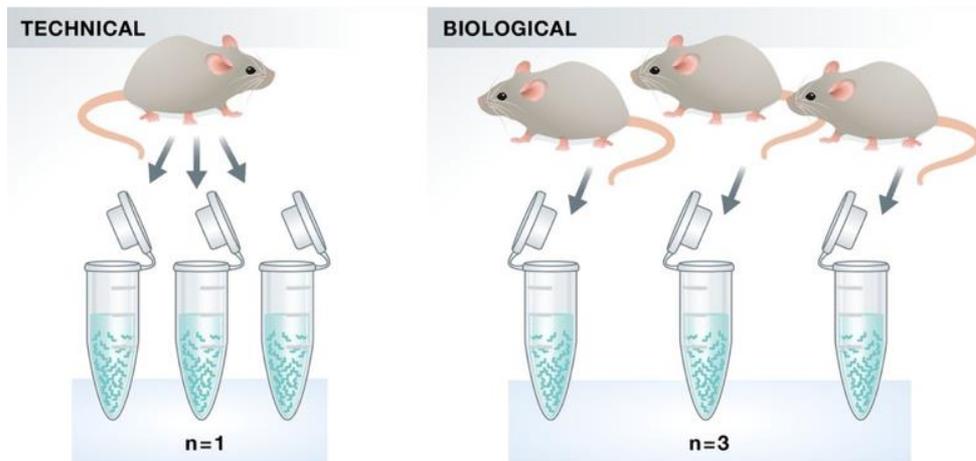
- Подготовка нужной фракции РНК
- Проверка качества РНК
- Обратная транскрипция => кДНК
- Фрагментация (~200-300 нукл)
- Секвенирование (чем глубже, тем лучше)

Реплики

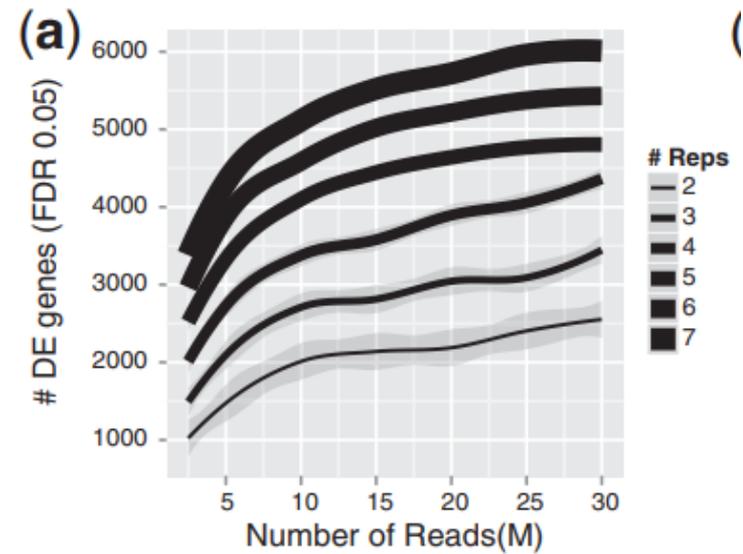
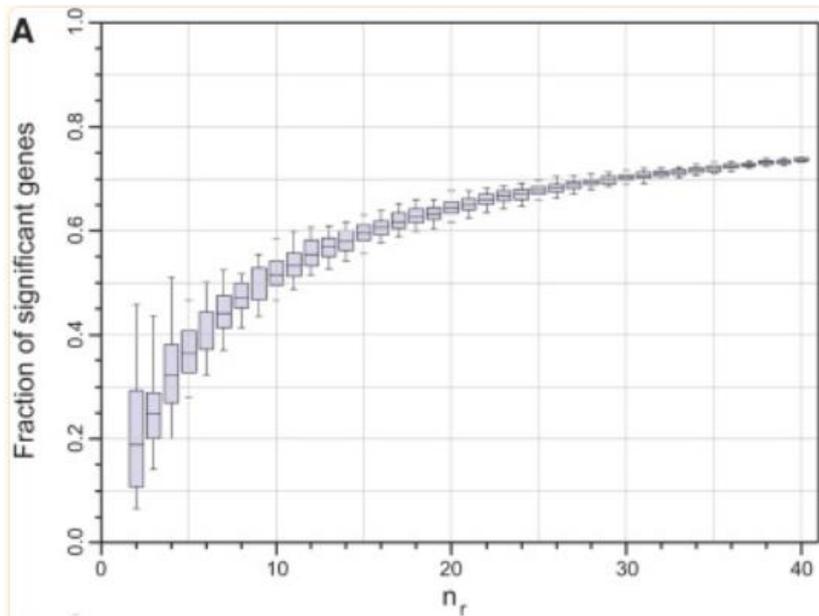
- Что это такое?
- Какие бывают?
- Зачем нужны?

Реплики

- Технические реплики – повторный анализ одного и того же образца
- Биологические реплики – такое же исследование аналогичного образца

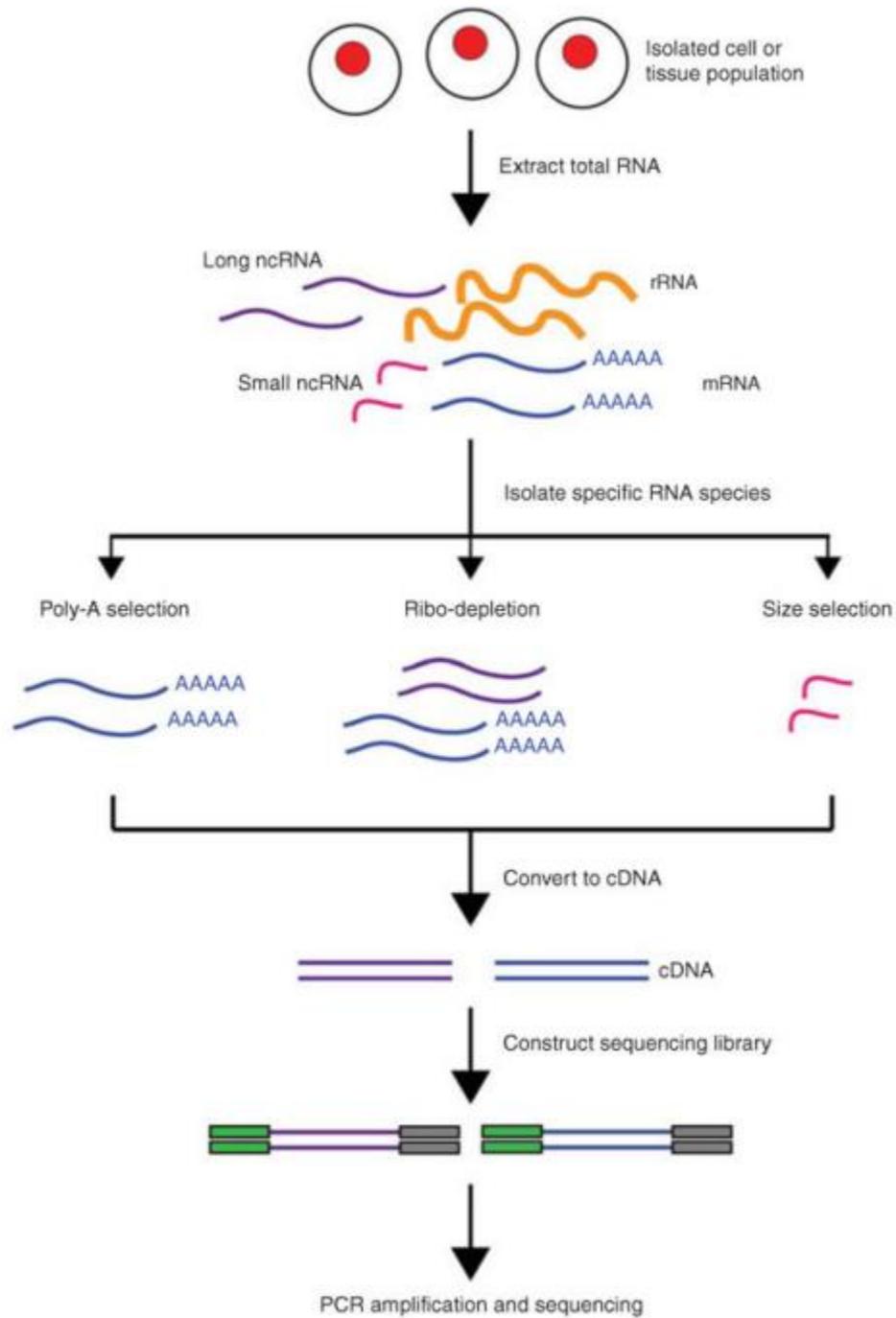


Сколько нужно реплик?

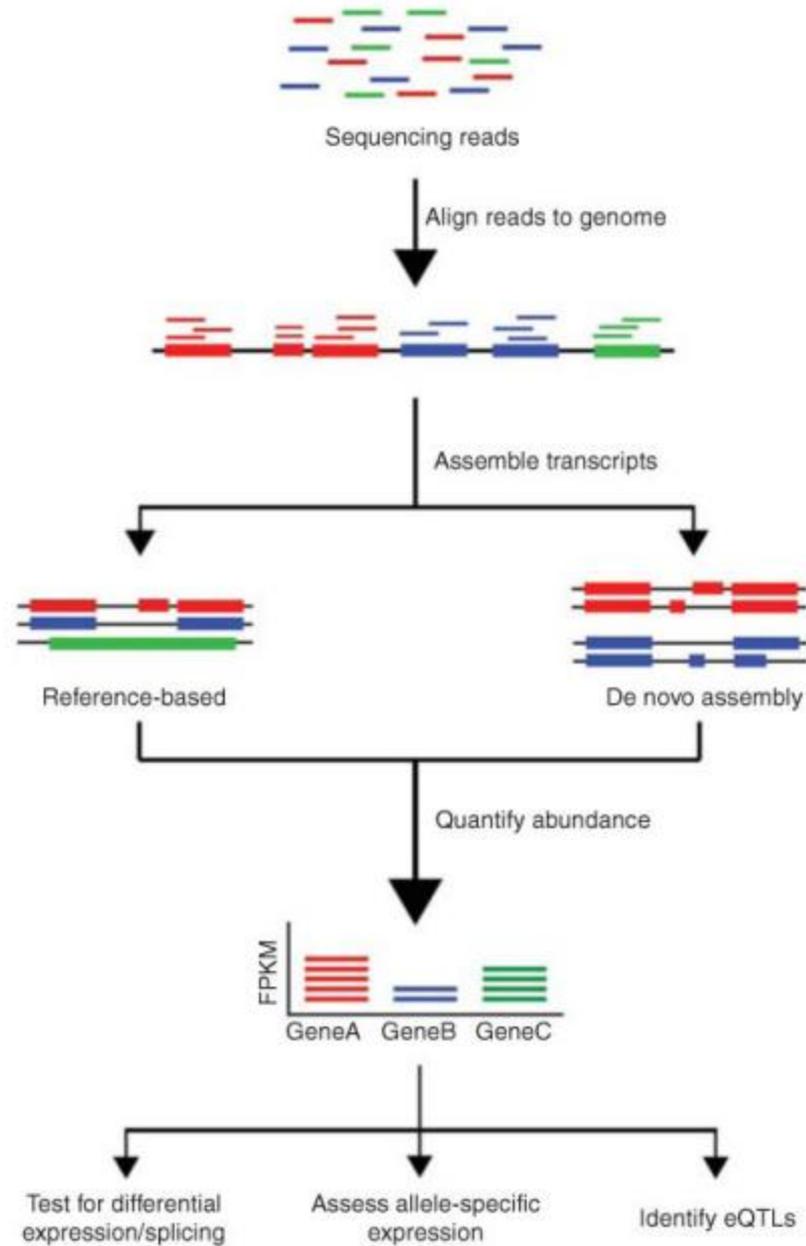


[ref](#)

[ref](#)



[ref](#)



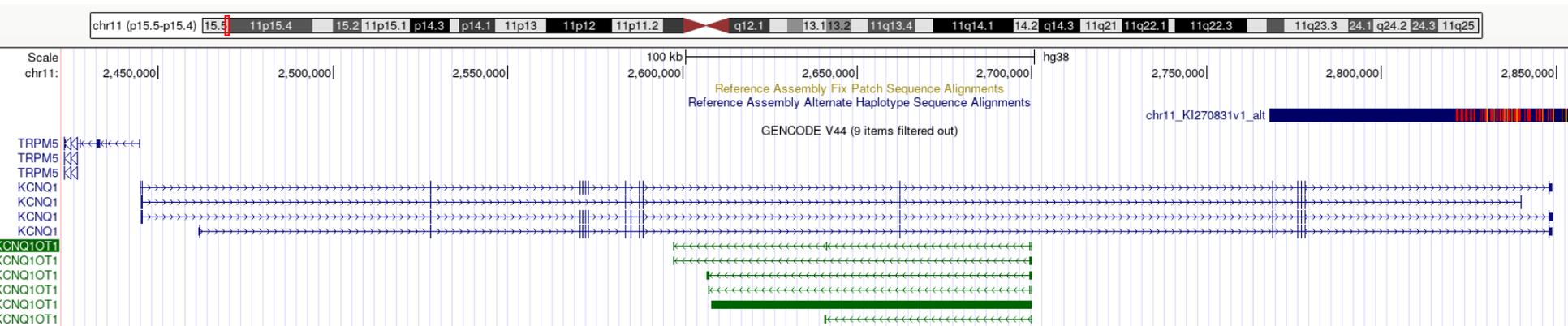
[ref](#)

Цепь-специфичные библиотеки

- При секвенировании сохраняем информацию о том, с какой цепи ДНК шла транскрипция
- ЗАЧЕМ?

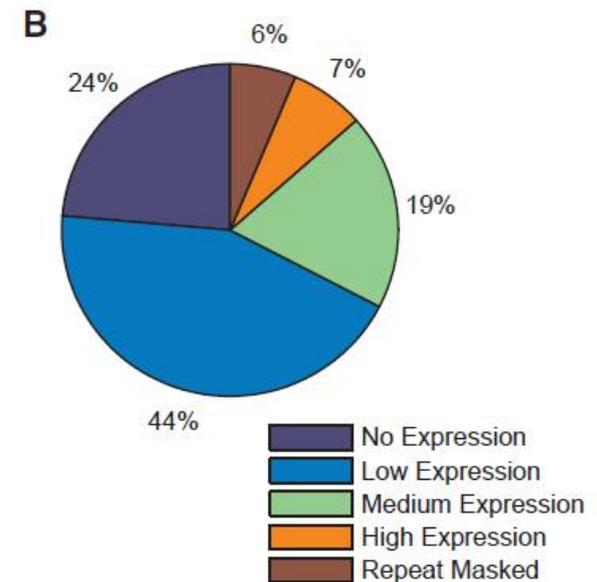
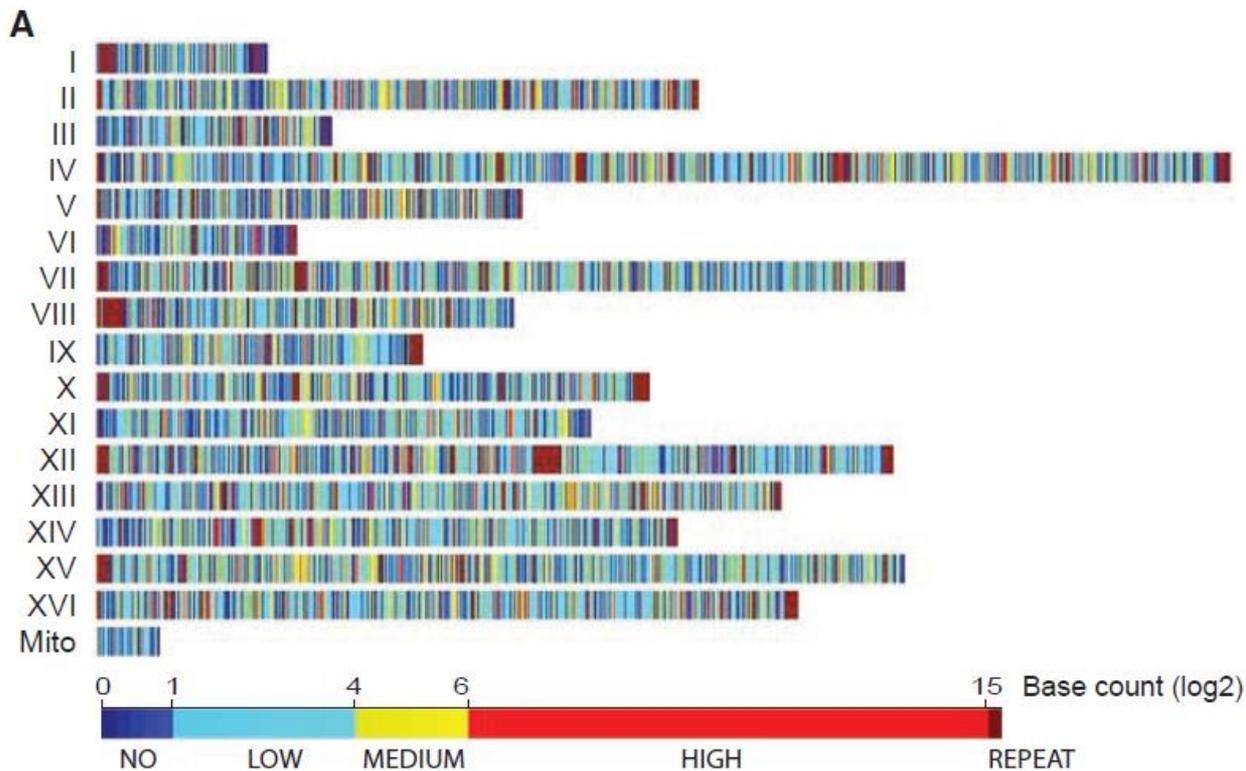
Цепь-специфичность

- мультик раз
- мультик два

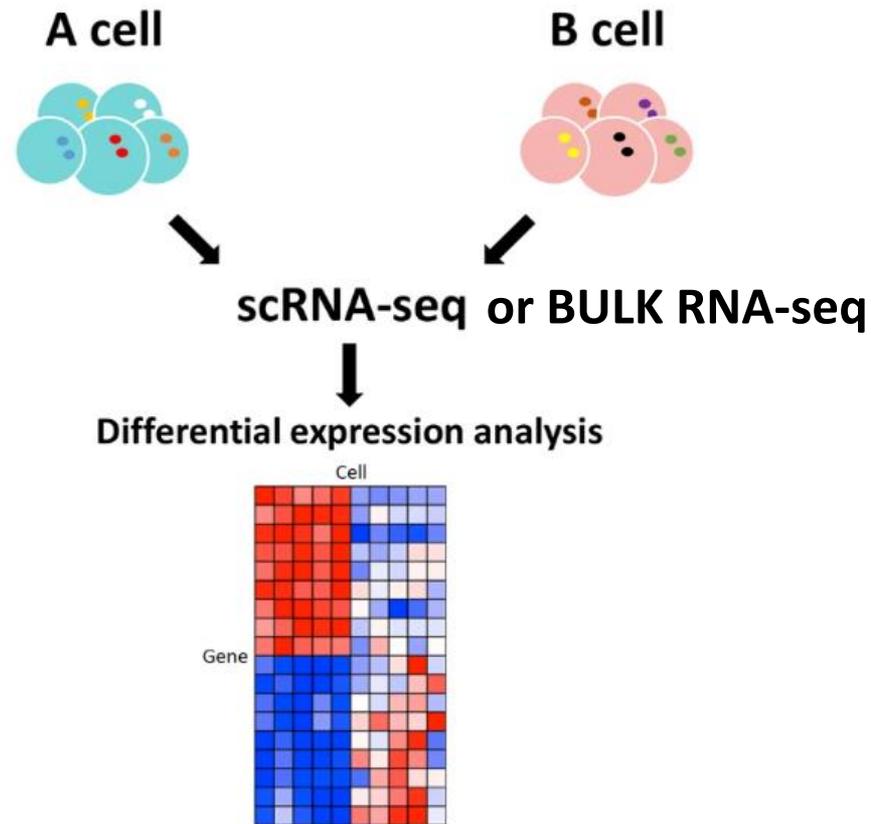


Анализ транскриптомов

- Первые работы – 2008 год - дрожжи



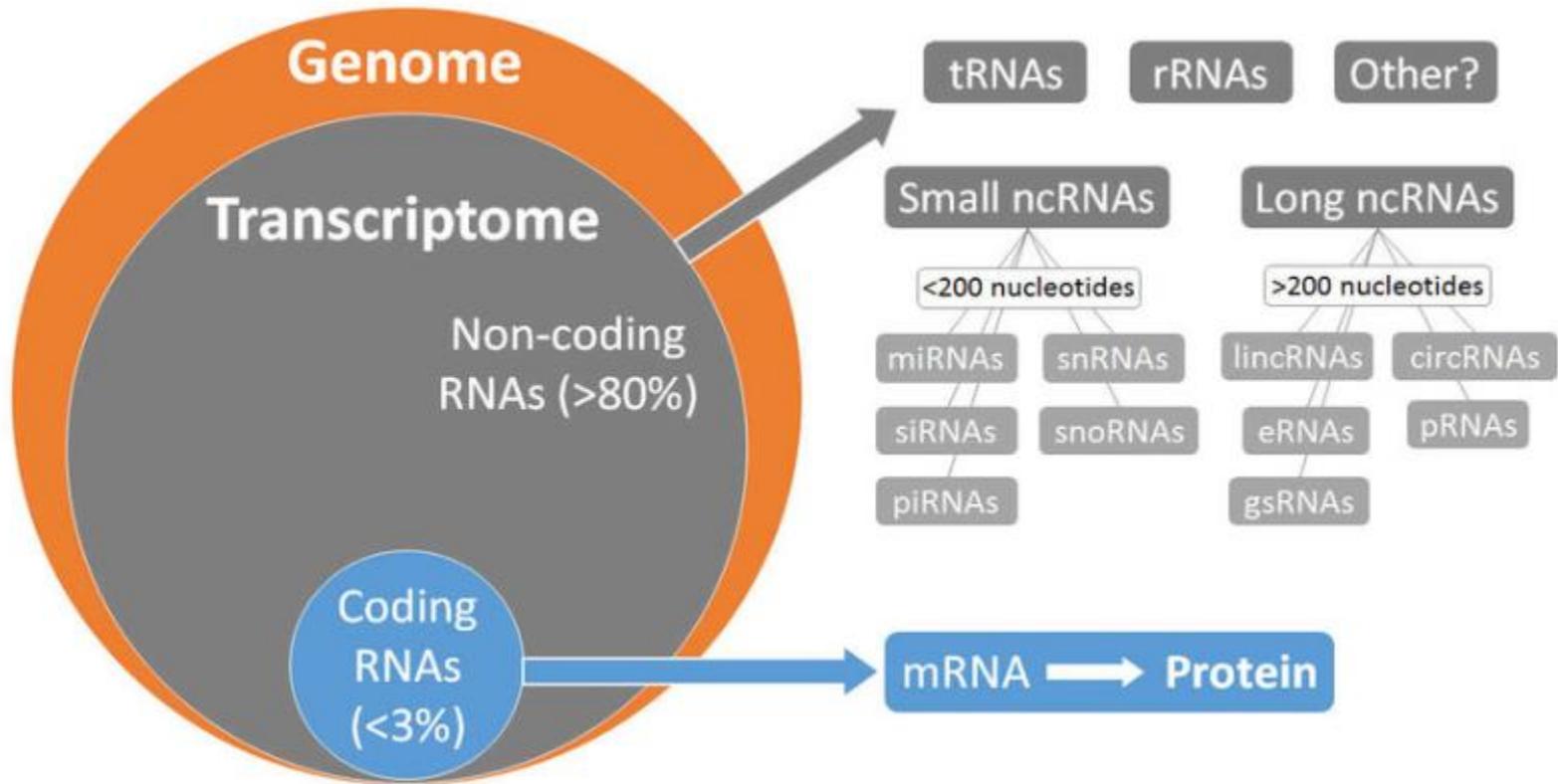
Дифференциальная экспрессия



Альтернативный сплайсинг

- АРОВ-100 – длинный транскрипт, синтезируется в печени
- АРОВ-48 – короткий транскрипт – синтезируется в кишечнике
- Синтезирующиеся белки входят в состав разных групп липопротеинов, которые затем идут каждый своим путем метаболизма

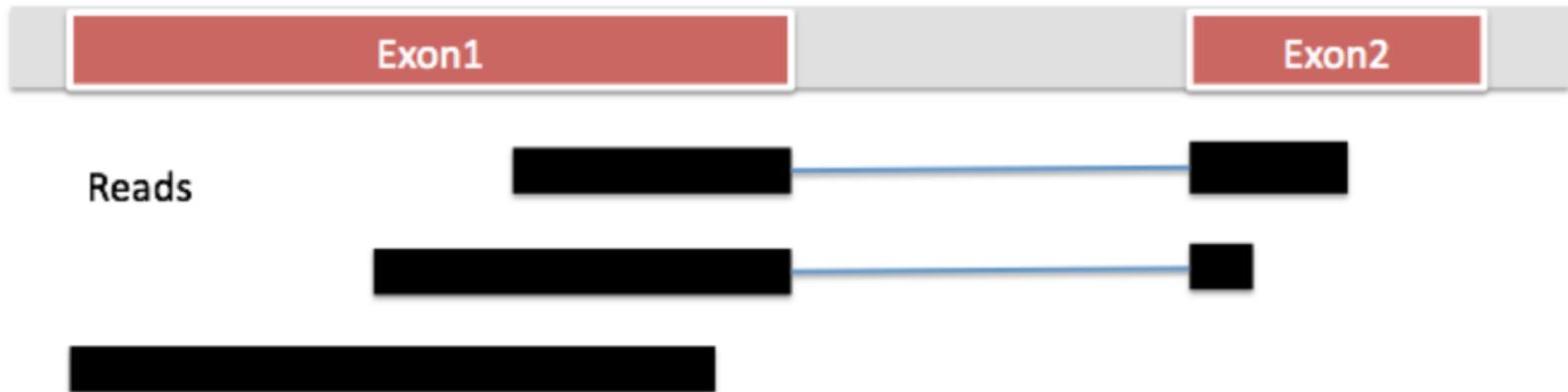
Некодирующие РНК



Картирование

- Чем принципиально отличается картирование чтений экзомного секвенирования и РНК-секвенирования?

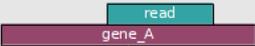
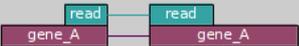
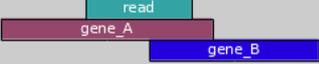
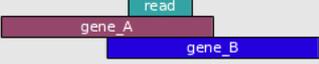
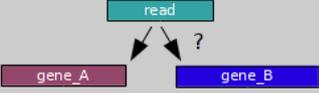
HISAT2



Аннотация

- Нужно каждому гену приписать количество чтений, которые на него попали

Htseq-count

	union	intersection_strict	intersection_nonempty
	gene_A	gene_A	gene_A
	gene_A	no_feature	gene_A
	gene_A	no_feature	gene_A
	gene_A	gene_A	gene_A
	gene_A	gene_A	gene_A
	ambiguous (both genes with --nonunique all)	gene_A	gene_A
	ambiguous (both genes with --nonunique all)		
	alignment_not_unique (both genes with --nonunique all)		

На вход:

- Bam
- Gtf

Внимательно смотрите на выход!!!
Особенно на конец файла!!!

[ref](#)

Genome Browser

- [Геномный браузер](#)

The screenshot shows the UCSC Genome Browser Gateway interface. At the top, there is a header with the University of California Santa Cruz Genomics Institute logo and the text "UCSC Genome Browser Gateway". Below the header is a navigation bar with links for Home, Genomes, Genome Browser, Tools, Mirrors, Downloads, My Data, Projects, Help, and About Us. The main content area is divided into two sections: "Browse/Select Species" and "Find Position".

Browse/Select Species

POPULAR SPECIES

Human Mouse Rat Zebrafish Fruitfly Worm Yeast

Search through thousands of genome browsers
Enter species, common name or assembly ID

Find Position

Human Assembly
Dec. 2013 (GRCh38/hg38)

Position/Search Term
Enter position, gene symbol or search terms
Current position: chr12:6,533,553-6,539,335

GO

Genome Browser

- Визуализация структуры генов, включая транскрипты, в рамках разных номенклатур
- Большое количество аннотаций локусов:
 - консервативность
 - уровень экспрессии в разных тканях
 - наличие вариантов, представленных в различных клинических базах данных (OMIM, ClinVar, COSMIC и пр.)
 - функциональные участки (сайты связывания, энхансеры и пр.)
 - повторяющиеся элементы
 - многое другое

Genome Browser

- Можно подавать на вход ID гена
- Поддерживает множество номенклатур

Search

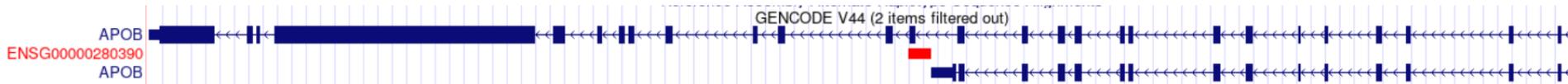
Human for

Use the tree to hide/show results from only these categories. Hover your mouse over each category for an explanation:

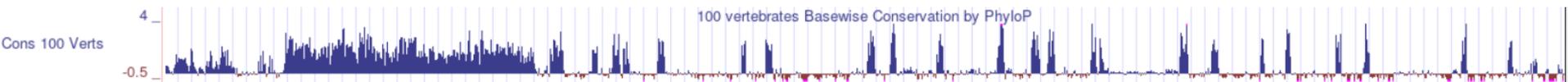
- ✓ GENCODE V44 (96 results)
- ✓ hg38 Track Data (253 results)
 - ✓ Visible Tracks (10 results)
 - ✓ RefSeq Curated (10 results)
 - ✓ Currently Hidden Tracks (243 results)
 - ✓ Genes and Gene Predictions (240 results)
 - ✓ RetroGenes V9 (2 results)
 - ✓ Other RefSeq (83 results)
 - ✓ MANE (13 results)
 - ✓ IKMC Genes Mapped (15 results)
 - ✓ HGNC (16 results)
 - ✓ NCBI RefSeq (51 results)
 - ✓ GENCODE Versions (8 results)
 - ✓ Phenotype and Literature (1 results)
 - ✓ GeneReviews (1 results)
 - ✓ mRNA and EST (2 results)
 - ✓ Human mRNAs (2 results)
 - ✓ Public Hubs (74 results)

Genome Browser

- В геномном браузере вся информация визуализирована в виде треков
- Разметка генов по версии GENCODE V44; представлено 3 транскрипта



- Трек консервативности; рассчитан на уровне позвоночных; выше значение – более консервативный локус



Genome Browser

- Треки можно выводить в пяти вариациях:
 - Hide
 - Dense
 - Squish
 - Pack
 - Full

Для изменения типа представления щелкните по треку правой кнопкой мыши и выберите необходимое представление

Genome Browser



Можно в строке поиска ввести локус в формате
`chrN:start-end`

Genome Browser

- Внизу страницы еще есть огромный список спрятанных треков (в представлении hide)

The screenshot displays three panels of hidden tracks in a genome browser interface, each with a 'refresh' button on the right. The tracks are organized into three main sections:

- Mapping and Sequencing:** Includes tracks for Base Position (dense), FISH Clones, LRG Regions, STS Markers, P14 Fix Patches (pack), Gap, Mappability, P14 Alt Haplotypes (pack), GC Percent, Problematic Region, Assembly (hide), GRC Contigs, Recomb Rate, Centromeres (hide), GRC Incident, RefSeq Acc, Chromosome Band (hide), Hg19 Diff, Restr Enzymes, Clone Ends (hide), INSDC, Scaffolds, Exome Probesets (hide), LiftOver & ReMap, and Short Match.
- Genes and Gene Predictions:** Includes tracks for GENCODE V4 (Updated, dense), NCBI RefSeq, CCDS (hide), CRISPR Targets (hide), GENE Version (Updated, s), HGNC (hide), IKMC Genes Mapped (19, d), LRG Transcripts (hide), MANE (full), MGC Genes (hide), Non-coding RNA (hide), Old UCSC Genes (hide), ORFeome Clones (hide), Other RefSeq (hide), Pfam in GENCODE (hide), Prediction Archive (hide), RetroGenes V9 (hide), TransMap V5 (hide), UCSC Alt Events (hide), and UniProt (hide).
- Phenotype and Literature:** Includes tracks for OMIM Alleles (dense), CADD (hide), Cancer Gene Expr (hide), ClinGen (hide), ClinGen CNVs (hide), ClinVar Variants (hide), Constraint scores (hide), Coriell CNVs (19, hide), COSMIC (New, hide), COSMIC Regions (hide), DECIPHER CNVs (hide), DECIPHER SNVs (hide), Development Delay (hide), GenCC (hide), Gene Interactions (hide), GeneReviews (hide), GWAS Catalog (hide), HGMD_public (hide), LOVD Variants (hide), OMIM Cyto Loci (hide), OMIM Genes (dense), Orphanet (hide), PanelApp (hide), REVEL Scores (19, hide), SNPedia (hide), TCGA Pan-Cancer (hide), UniProt Variants (hide), and Variants in Papers (hide).

Далее внизу еще много

Genome Browser

- Для отображения нового трека
 - выберите его из списка внизу
 - поменяйте представление трека на необходимое
 - обновите страницу (кнопки refresh)
- Для удаления трека из браузера
 - поменяйте представление трека на hide

GeneCards



- [Энциклопедия](#) аннотированных генов человека
- Агрегирует множество информации, баз данных и дополнительных ресурсов
- ~200 [источников](#)!!!
- Можно подавать имя гена в любой номенклатуре

Статистика



GeneCards Version 5.18 (Updated: Oct 5, 2023)

		Category	# of Genes	Example Genes
Total genes	466,332			
HGNC approved	43,718	Protein-coding	21,652	MTOR FGFR2 RET RAF1 MET MAP2K2 MAP2K1
Disease genes	20,000	ncRNA genes	291,346	
Hot genes	500	lncRNAs	130,005	SFTA3 OFCC1 SPATA8 SLC22A18AS HCP5 LINC03040 DLEU1
		piRNAs	111,811	piR-52356 piR-30791-073 piR-62069 piR-62060 piR-62024 piR-61955 piR-61945-518
		miRNAs	6,903	MIR21 MIR143 MIR140 MIR27A MIR145 MIRLET7D MIRLET7C
		rRNAs	1,250	MT-RNR2 MT-RNR1 RNA5S17 RNA5S16 RNA5S15 RNA5S13 RNA5S12
		tRNAs	1,158	MT-TL1 MT-TV MT-TT MT-TS1 MT-TF MT-TW MT-TN
		snoRNAs	1,904	SNORD89 SNORD3A SNORD118 SNORA73B SNORA64 SNORA62 SCARNA5
		SRP_RNAs	9,022	RN7SL2 RN7SL1 RN7SL3 RF00017-7992 RF00017-7752 RF00017-6963 RF00017-6018
		circRNAs	120	OP794511 OP794616 OP794610 OP794600 OP794560 OP794534 OP794524
		Other ncRNAs	29,173	ADGRF2P TERC ARRDC1-AS1 HCG22 SCARNA7 SCARNA6 RNU4ATAC
		Functional elements	128,259	FRAXA HBB-LCR FRAXE H19-ICR LOC111365204 FRA16B FRA11B
		Pseudogenes	21,979	BIRC8 SLC26A10P GUCY1B2 GNRHR2 ZNF781 TRIM16L OR10J3
		Genetic loci	1,287	ERVE-1 ST2 VIS1 IGKDEL IFNR ERDA1 AZF1
		Gene clusters	10	PCDHG@ PCDHB@ IGLV@ IGKV@ HOXD@ HOXA@ HOXB@
		Uncategorized	1,799	C20orf181 UGT1A ERVK9-11 ERVH-1 KHDRBS2-OT1 ERVK-28 CCDST

Разделы



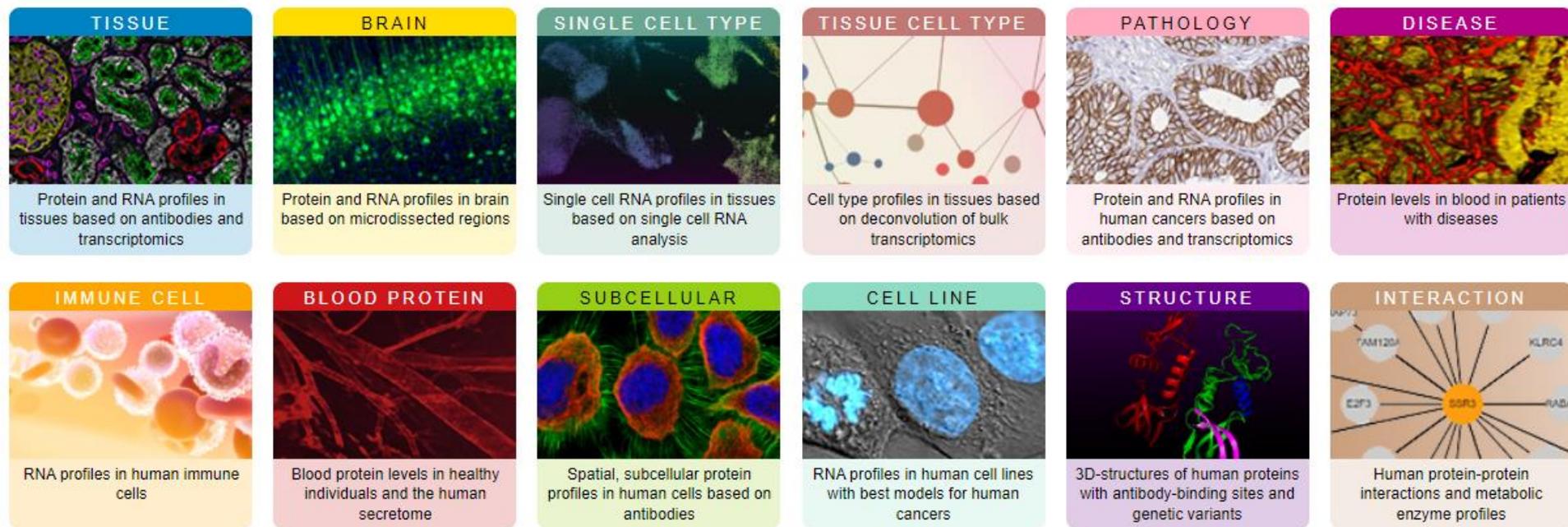
GeneCards Sections

- Aliases
- Summaries
- Genomics
- GeneHancer Regulatory Elements
- Proteins
- Domains
- Function
- Localization
- Pathways & Interactions
- Drugs & Chemical Compounds
- Transcripts
- Expression
- Orthologs
- Paralogs
- Variants
- Disorders / Diseases
- Publications
- Products



The human protein atlas

- На вход: ID гена или белка
- 12 секций:



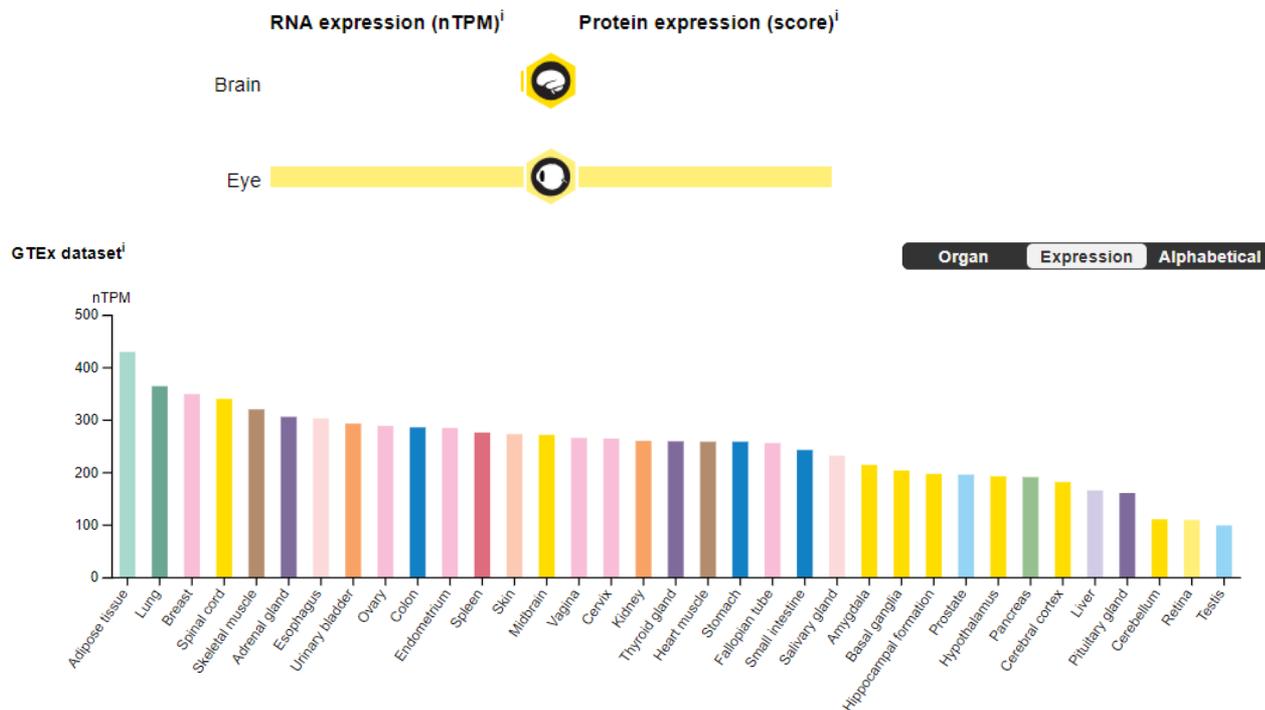
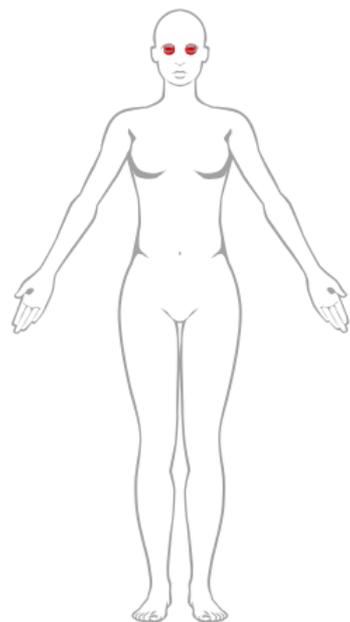
The human protein atlas

Gene	RNA category human	RNA category pig/mouse	Annotation
<input checked="" type="checkbox"/> Gene ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA tissue specificity ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA mouse brain regional specificity ⁱ	<input type="checkbox"/> Antibody ID ⁱ
<input type="checkbox"/> Gene synonym ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA tissue distribution ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA mouse brain regional distribution ⁱ	<input type="checkbox"/> Reliability (IH) ⁱ
<input type="checkbox"/> Ensembl gene id ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA tissue specificity score	<input type="checkbox"/> RNA mouse brain regional specificity score	<input type="checkbox"/> Reliability (Mouse Brain) ⁱ
<input checked="" type="checkbox"/> Gene description ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA tissue specific nTPM	<input type="checkbox"/> RNA mouse brain regional specific nTPM	<input type="checkbox"/> Reliability (IF) ⁱ
<input type="checkbox"/> Uniprot accession	<input type="checkbox"/> RNA tissue nTPM max in non-specific	<input type="checkbox"/> RNA pig brain regional specificity ⁱ	<input type="checkbox"/> IH abundance (Normal Tissue) ⁱ
<input type="checkbox"/> Chromosome	<input type="checkbox"/> RNA single cell type specificity ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA pig brain regional distribution ⁱ	<input type="checkbox"/> Subcellular location ⁱ
<input type="checkbox"/> Chromosome position ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA single cell type distribution ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA pig brain regional specificity score	<input type="checkbox"/> Secretome location ⁱ
<input type="checkbox"/> Protein class ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA single cell type specificity score	<input type="checkbox"/> RNA pig brain regional specific nTPM	<input type="checkbox"/> Secretome function ⁱ
<input type="checkbox"/> Biological process ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA single cell type specific nTPM		<input type="checkbox"/> Cell Cycle Dependent Protein ⁱ
<input type="checkbox"/> Molecular function ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cancer specificity ⁱ		<input type="checkbox"/> Cell Cycle Dependent Transcript ⁱ
<input type="checkbox"/> Disease involvement ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cancer distribution ⁱ		<input type="checkbox"/> Cancer prognostic p-value ⁱ
	<input type="checkbox"/> RNA cancer specificity score		<input type="checkbox"/> Blood expression cluster
	<input type="checkbox"/> RNA cancer specific FPKM		<input type="checkbox"/> Tissue expression cluster
Evidence	<input type="checkbox"/> RNA brain regional specificity ⁱ		<input type="checkbox"/> Brain expression cluster
<input checked="" type="checkbox"/> Evidence (summary) ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA brain regional distribution ⁱ		<input type="checkbox"/> Cell line expression cluster
<input type="checkbox"/> HPA evidence	<input type="checkbox"/> RNA brain regional specificity score		<input type="checkbox"/> Single cell expression cluster
<input type="checkbox"/> UniProt evidence	<input type="checkbox"/> RNA brain regional specific nTPM		<input type="checkbox"/> Num protein interactions
<input type="checkbox"/> NeXtProt evidence	<input type="checkbox"/> RNA blood cell specificity ⁱ		
Atlas	<input type="checkbox"/> RNA blood cell distribution ⁱ		
<input checked="" type="checkbox"/> Tissue ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood cell specificity score		
<input checked="" type="checkbox"/> Brain ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood cell specific nTPM		
<input checked="" type="checkbox"/> Single cell type ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood lineage specificity ⁱ		
<input checked="" type="checkbox"/> Tissue cell type ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood lineage distribution ⁱ		
<input checked="" type="checkbox"/> Pathology ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood lineage specificity score		
<input checked="" type="checkbox"/> Disease ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA blood lineage specific nTPM		
<input checked="" type="checkbox"/> Immune cell ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cell line specificity ⁱ		
<input checked="" type="checkbox"/> Blood ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cell line distribution ⁱ		
<input checked="" type="checkbox"/> subcellular ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cell line specificity score		
<input checked="" type="checkbox"/> Cell line ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA cell line specific nTPM		
<input checked="" type="checkbox"/> Structure ⁱ	<input type="checkbox"/> RNA tissue cell type enrichment		
<input checked="" type="checkbox"/> Interaction ⁱ			

The human protein atlas

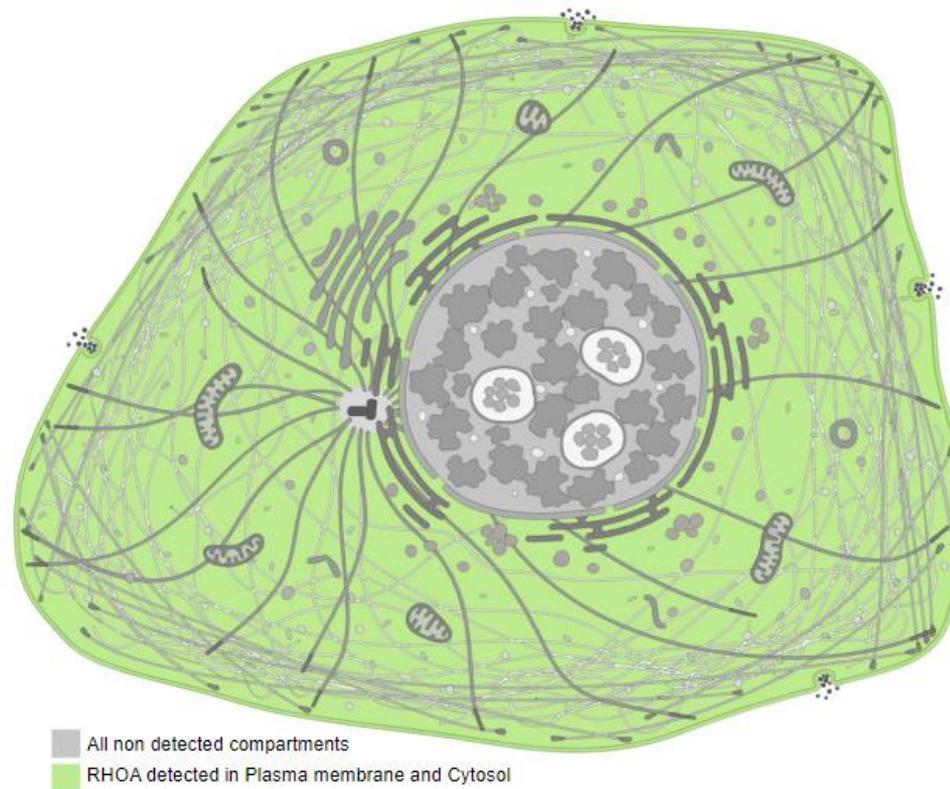
- Детекция мРНК и соответствующего белка в различных тканях, типах клеток и клеточных линиях

RNA AND PROTEIN EXPRESSION SUMMARYⁱ



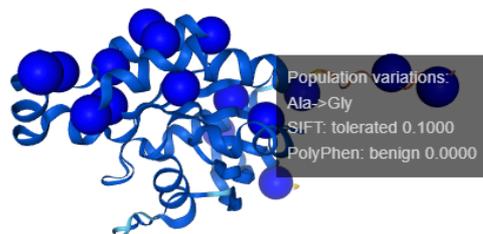
The human protein atlas

- Субклеточная локализация белка



The human protein atlas

- Структура белка с популяционными и клиническими вариациями



Description:

Structure prediction of P61586 from AlphaFold project, version 2

Color scheme:

Confidence Residue index Your selection

Variants:

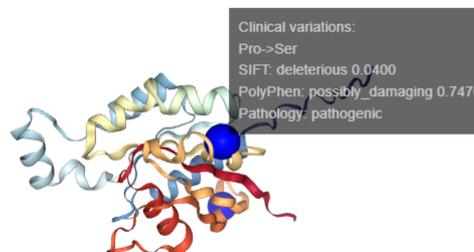
Off Clinical (#=2) Population (#=17)

Autorotate:

Off On

Confidence for predicted structure:

Very high (pI DDT > 90)



Description:

Structure prediction of P61586 from AlphaFold project, version 2

Color scheme:

Confidence Residue index Your selection

Variants:

Off Clinical (#=2) Population (#=17)

Autorotate:

Off On

И многое другое!

- Книжка