

ESERCIZIO 1

Supponiamo di essere interessati per motivi diversi ad un certo particolare gene, umano, ad esempio JAG1. Voglio estrarre tutte le informazioni relative a JAG1 presenti in Ensembl. Ripercorrere l'analisi del gene JAG1 visto a lezione, in particolare:

- Ottenere il corrispondente ENSG.
- Ottenere il corrispondente Main Gene Report dal pannello Search. Su che strand è annotato il gene ? Quanti trascritti possiede ? Possiede dei trascritti Vega ? Quanto è lungo il suo 5'-UTR ? Quanto è lungo il suo 3'-UTR ? Definire in coordinate cromosomiche assoluto la posizione di TSS, ATG, Stop codon. Estrarre 2000 bp di DNA upstream dal TSS del trascritto e salvarle in un file in formato FASTA.
- JAG1 ha un ortologo in topo ? Quale è il suo id in Ensembl ?
- Elencare tutte le SNP presenti scrivendo il tipo (synonymous o meno) di mutazione che causano e l'effetto sui residui amminoacidici.
- Identificare gli alias e le annotazioni funzionali del gene, in particolare: Gene Ontology terms, Entrez id, Unigene id. Il gene è associato a qualche malattia ereditaria ?

ESERCIZIO 2

Supponiamo di essere interessati a questi geni:

ENSG00000169083
ENSG00000162772
ENSG00000067955

- Estrarre il nome dei geni, l'identificativo dei trascritti e degli esoni.
- Identificare l'identificativo in Ensembl dei geni ortologi di gallo e la percentuale di identità.
- Per ogni trascritto estrarre le sequenze CDS ed allinearle con CLUSTALW.

ESERCIZIO 3

Per i seguenti identificativi PDB, indicare la famiglia strutturale ed i corrispondenti identificativi di ENSEMBL:

1af1
1d66
1hcq
1bc7
1bc7
1b72
1au7
1a02
1a0a
1am9