

## Ćwiczenie 06

### Geny u różnych organizmów. Genetyczne uwarunkowanie oporności bakterii na antybiotyki. Struktura rekordu w bazie NCBI.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

#### 1. Geny u różnych grup organizmów

##### 1.1. Pytania i zagadnienia

- 1.1.1. Jaka jest współczesna definicja genu? W jaki sposób osiągnięcia genetyki przyczyniały się do zmiany definicji genu?
- 1.1.2. Jakie elementy zawiera gen?
- 1.1.3. Proszę porównać geny Prokariota i Eukariota. Proszę omówić geny na wybranych przykładach.
- 1.1.4. Co to jest ORF?
- 1.1.5. Co to są rodziny genów? Omów przykładowe rodziny genów.
- 1.1.6. Co to są ortologi i paralogi?

##### 1.2. Ćwiczenia

- 1.2.1. Proszę podać wszystkie możliwe ramki odczytu dla poniższej sekwencji będącej fragmentem genu kodującego polimerazę RNA u *A. thaliana*.

**atgcttgggg atgaaaaaga**

*Sekwencje zawsze podawane są jako 5'-3' czyli jako nić sensowna.*

##### 1.3. Problemy

- 1.3.1. U wirusów większość genów nakłada się. Jakie mogą być przyczyny takiej organizacji genomu?
- 1.3.2. Zaprojektuj doświadczenie pozwalające na zbudowanie sztucznej komórki.

## 2. Genetyczne uwarunkowania oporności bakterii na antybiotyki

### 2.1. Pytania i zagadnienia

- 2.1.1. Jak przebiega zakażenie *Mycobacterium tuberculosis*?
- 2.1.2. Jaki element budowy komórki *M. tuberculosis* czyni tę bakterię odporną na działanie wielu niekorzystnych czynników środowiskowych?
- 2.1.3. Jaki jest mechanizm oporności *M. tuberculosis* na izoniazyd i ryfampicynę?

### 2.2. Ćwiczenia

- 2.2.1. Proszę obejrzeć film dotyczący *Mycobacterium tuberculosis* i odpowiedzieć na następujące pytania.

🔗 <https://www.youtube.com/watch?v=u7o93nmgp1E>

🔗 Pytania:

- A. Jak w skrócie określa się gruźlicę?
- B. Jakie części ciała atakuje *M. tuberculosis*?
- C. Jaka część globalnej populacji jest zakażona *M. tuberculosis*?
- D. Ile przypadków gruźlicy identyfikuje się rocznie, a ile przypadków jest śmiertelnych?
- E. Jaka grupa jest szczególnie narażona na zakażenie *M. tuberculosis*?
- F. Czy u każdej zakażonej osoby rozwijają się objawy chorobowe?

### 2.3. Problemy

- 2.3.1. Według WHO najczęściej przypadków gruźlicy obserwuje się w Afryce? Zaplanuj program zmniejszający liczbę zachorowań i umieralność na gruźlicę w Afryce.
  - 2.3.2. Coraz większym problemem jest gruźlica lekooporna. W jaki sposób badania genetyczne mogą pomóc w leczeniu gruźlicy lekoopornej?
  - 2.3.3. Lekooporność jest zjawiskiem dotyczącym wielu bakterii. Co jest przyczyną tego zjawiska? W jaki sposób można walczyć z tym zjawiskiem? Czy jest możliwe wyeliminowanie lekooporności?
- 2.2.2. Analiza mutacji w genie *KatG M. tuberculosis*.

## 3. Struktura rekordu w bazie NCBI i analiza mutacji w genie *KatG*

### 3.1. Ćwiczenia

- 3.1.1. Struktura formatu GenBank

🔗 Proszę wejść na stronę NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

🔗 Proszę wybrać bazę „Nucleotide” z wszystkich możliwości po prawej stronie.

The screenshot shows the NCBI homepage. At the top, there is a search bar and a navigation menu. The main content area is divided into three columns: 'NCBI Home' (left), 'Welcome to NCBI' (center), and 'Popular Resources' (right). In the 'Popular Resources' section, the 'Nucleotide' link is circled in blue. Below the 'Nucleotide' link, there are links for 'Genome', 'SNP', and 'Gene'.

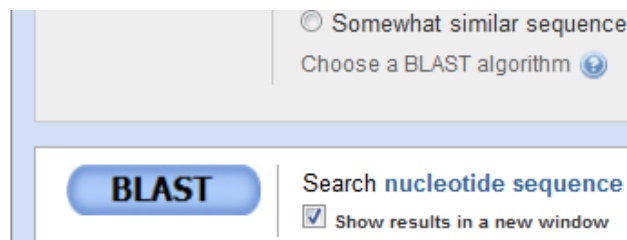
- Proszę wpisać numer akcesyjny: **KP746928.1**
  - Proszę przeanalizować format danych, który pojawił się na ekranie.
- A. Nazwa formatu danych pojawia się w górnym, lewym rogu pod tytułem sekwencji. Proszę podać jak nazywa się wyświetlony format.



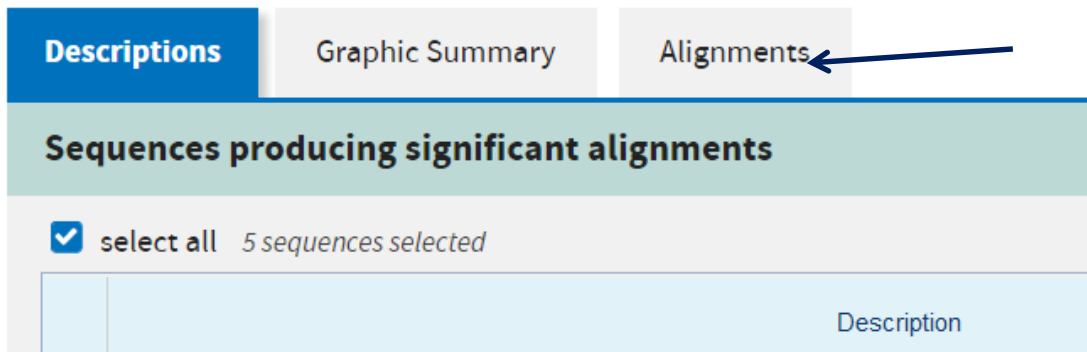
- B. Proszę podać pozostałe formaty w jakich może być wyświetlona sekwencja.
- C. Jaką postać ma format „FASTA”?
- D. Jakie dane znajdują się w formacie „Graphics”?
- E. Jakie informacje zawarte są w linijce „LOCUS”?
- F. Jaką długość ma gen a jaką region kodujący białko?
- G. Czy można odczytać sekwencję aminokwasów?
- H. Jaki jest numer akcesyjny białka kodowanego przez gen?
- I. Proszę znaleźć w rekordzie link do taksonomii *M. tuberculosis* i podać ją.
- J. Proszę przejść na widok „Graphics”. Proszę powiększyć sekwencję za pomocą suwaka i odczytać nukleotydy od 1030 do 1041. Jakim aminokwasom odpowiadają te nukleotydy?

### 3.1.2. Identyfikacja mutacji w genie KatG za pomocą narzędzia BLAST.

- Ze strony głównej NCBI proszę wybrać BLAST a następnie „nucleotide blast”.
- W oknie, które się pojawi proszę zaznaczyć: „align two or more sequences”. Pojawią się dwa okna, w które należy wpisać numery akcesyjne sekwencji.
- W górnym oknie proszę wpisać numer: **KP746928.1**
- W dolnym oknie proszę wpisać następujące numery: KP746927.1, KP746926.1, KP746925.1, KP746924.1, KP746923.1. Sekwencje proszę wpisać w kolumnie, bez przecinków.
- Proszę pozostawić standardowe parametry czyli poszukiwania dla „highly similar sequences”.
- W dolnej części ekranu proszę wybrać „show results in a new window” oraz rozpocząć poszukiwania „klikając” na „BLAST”



- W otrzymanym widoku proszę przejść na stronę „alignments”



The screenshot shows a web interface with three tabs: "Descriptions", "Graphic Summary", and "Alignments". An arrow points to the "Alignments" tab. Below the tabs is a section titled "Sequences producing significant alignments". Under this section, there is a checkbox labeled "select all" which is checked, followed by the text "5 sequences selected". Below this is a table with a header "Description".

- W widoku „alignments” proszę wybrać opcję: „pairwise with dots for identities”.
- Proszę podać jakie mutacje i w jakiej pozycji wystąpiły w każdej z analizowanych sekwencji w stosunku do sekwencji **KP746928.1**.