

Ćwiczenie 14

Kod genetyczny i białka Porównywanie sekwencji białek

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Kod genetyczny i białka

1.1. Pytania i zagadnienia

- 1.1.1. Co to jest ramka odczytu, ile ramek odczytu można przewidzieć dla danego fragmentu DNA?
- 1.1.2. Wymień cechy kodu genetycznego? Z czego wynika degeneracja kodu genetycznego?

1.2. Ćwiczenia

- 1.2.1. Poniżej podano krótką sekwencję nukleotydową (zapis zgodny z NCBI). Korzystając z tablicy kodu genetycznego na końcu protokołu podaj wszystkie możliwe ramki odczytu tej sekwencji.

ATG ACG GAG CTC AAA GAA AAA TTC AAG CGC

Ćwiczenie można wykonać w grupach i omówić.

1.2.2. W pliku tekstowym „Biologia Medyczna.txt” podano sekwencję nukleotydową pewnego genu.

Korzystając z ORFfinder na serwerze NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) proszę wyznaczyć prawdopodobną ramkę odczytu. Proszę nie zmieniać parametrów tylko wkopiować sekwencję i zatwierdzić „submit”.

- A. Ile możliwych ORF wyznaczył program.
- B. Która z wyznaczonych sekwencji jest najprawdopodobniej właściwym ORF? Podaj nr kodonu STOP i START dla tej sekwencji.
- C. Ile nukleotydów ma właściwy ORF?
- D. Ile aminokwasów ma białko powstałe na bazie tej sekwencji?
- E. Podaj pierwsze 5 aminokwasów prawidłowej sekwencji.

Samodzielne Wykonanie ćwiczenia 1.2.2: 2 pkt.

1.3. Problemy

1.3.1. W prasie często pojawia się określenie: „rozszyfrowano kod genetyczny człowieka” Proszę ustosunkować się do tego twierdzenia.

1.3.2. Czy kod genetyczny możemy porównać do zapisu informacji w komputerze? Proszę znaleźć cechy wspólne i różnice?

1.3.3. Kod genetyczny to pozostałość „Świata RNA”. Proszę uzasadnić to stwierdzenie.

2. Porównywanie sekwencji białek

2.1. Pytania i zagadnienia

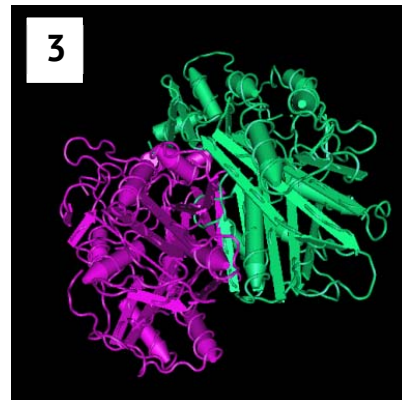
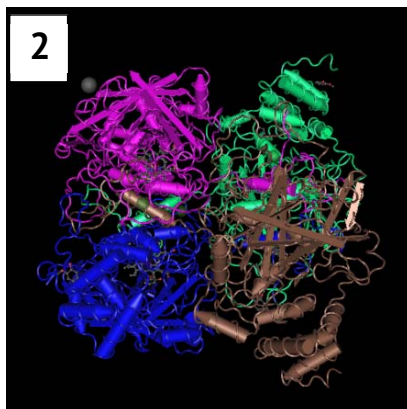
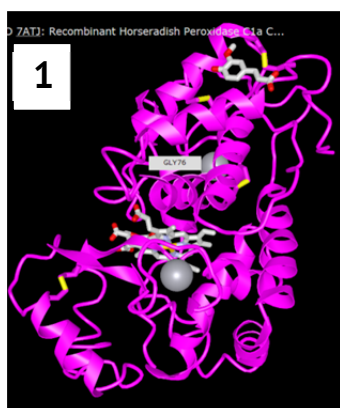
2.1.1. Co to jest struktura pierwszorzędowa, drugorzędowa, trzeciorzędowa i czwartorzędowa białek?

2.1.2. Jakie dwie formacje przestrzenne tworzą podstawowy element struktury drugorzędowej białek.

2.1.3. Jak wytłumaczysz 10-letniemu dziecku dlaczego możemy ubić pianę z białek?

2.2. Ćwiczenia

2.2.1. Wskaż na poniższych rysunkach α -helisę i β -kartkę:



2.2.2. Porównanie sekwencji białkowych peroksydaz za pomocą programu CLUSTAL.

- Proszę wejść na stronę CLUSTAL Omega i wybrać porównanie dla białek (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>).
- Proszę wkopiować sekwencje peroksydaz z 4 gatunków dostarczone w pliku Peroksydazy.fasta lub załadować plik.
- Proszę wykonać porównanie sekwencji na domyślnych parametrach i podać następujące dane:
 - ▶ A: Liczbę konserwatywnych miejsc w obszarze od 181 do 239 aminokwasu Cucurbita. Konserwatywne pozycje zaznaczone są gwiazdką.
 - ▶ B: Liczbę miejsc zawierających aminokwasy o podobnych właściwościach (dwukropek) w tym samym obszarze.
- Proszę przełączyć się na widok „Phylogenic Tree” (najlepiej w osobnym oknie lub karcie) i wyświetlić drzewo filogenetyczne.
 - ▶ C: Do peroksydazy jakiego gatunku jest najbardziej podobna peroksydaza Cucurbita?
 - ▶ D: Proszę podać do którego królestwa należy gatunek, który ma peroksydazę najbardziej podobną do Cucurbita.
 - ▶ E: Jaka jest polska nazwa rodzajowa tego organizmu?
 - ▶ F: Czy gatunek wymieniony w ćwiczeniu występuje w Polsce w naturalnych siedliskach?
- Proszę przełączyć się na widok „MyView” (najlepiej w osobnym oknie lub karcie) i po jego pojawieniu się zaakceptować polecenie wskazane w oknie (submit)
 - ▶ G: Korzystając z informacji dotyczących procentowego pokrycia porównywanych sekwencji (cov) proszę podać wartość pokrycia pomiędzy Cucurbita a Pisum na obszarze pomiędzy 161 a 240 pozycją aminokwasów.
 - ▶ H: Proszę podać pierwszych 5 aminokwasów sekwencji konsensusowej w 70% dla obszaru 241-320.

Samodzielne wykonanie ćwiczenia 2.2.2: 3 punkty**2.3. Problemy**

- 2.3.1. W badaniach ewolucyjnych wykorzystuje się kwasy nukleinowe i białka. Proszę się zastanowić czy jeżeli obie cząsteczki dotyczą tego samego genu (regionu) to mają taką samą wartość porównawczą? Czy drzewa filogenetyczne na bazie sekwencji nukleotydowych i białkowych mogą się różnić?
- 2.3.2. Czy można stworzyć wiarygodną filogenezę i odtworzyć mechanizmy ewolucji porównując pojedynczą sekwencję białkową u wielu organizmów?
- 2.3.3. W wyniku porównania sekwencji białkowej pochodzącej od bakterii, rośliny i zwierzęcia okazało się, że są one w 70% podobne i można łatwo utworzyć sekwencję konsensusową. O czym może świadczyć taki wynik?

3. Kod Genetyczny: tablica

Table 3.1 Standard genetic code									
1 st base	2 nd base								3 rd base
	U		C		A		G		
U	UUU	Phenylalanine, Phe/F ¹	UCU	Serine, Ser/S	UAU	Tyrosine, Tyr/Y	UGU	Cysteine, Cys/C	U
	UUC		UCC		UAC		UGC		C
	UUA	Leucine, Leu/L	UCA		UAA	STOP - Ochre	UGA	STOP - Opal	A
	UUG		UCG		UAG	STOP - Amber	UGG	Tryptophan, Trp/W	G
C	CUU	Leucine Leu/L	CCU	Proline, Pro/P	CAU	Histidine, His/H	CGU	Arginine, Arg/R	U
	CUC		CCC		CAC		CGC		C
	CUA		CCA		CAA	Glutamine, Gln/Q	CGA		A
	CUG		CCG		CAG		CGG		G
A	AUU	Isoleucine Ile/I,	ACU	Threonine, Thr/T	AAU	Asparagine, Asn/N	AGU	Serine, Ser/S	U
	AUC		ACC		AAC		AGC		C
	AUA		ACA		AAA	Lysine, Lys/K	AGA	Arginine, Arg/R	A
	AUG ²	Methionine, Met/M	ACG		AAG		AGG		G
G	GUU	Valine, Val/V	GCU	Alanine, Ala/A	GAU	Aspartic acid, Asp/D	GGU	Glycine, Gly/G	U
	GUC		GCC		GAC		GGC		C
	GUA		GCA		GAA	Glutamic acid, Glu/E	GGA		A
	GUG		GCG		GAG		GGG		G

¹PHE/F - abbreviations.

²The codon AUG has two functions: it codes for both methionine and an initiation site.

Nonpolar Polar Basic Acidic