

Opgave 1

Identifikation af ukendt DNA vha. bioinformatik

Genbank er en frit tilgængelig database der indeholder informationer om gener og andre nucleotid-sekvenser.

BLAST er et program der kan bruges til at sammenligne nucleotidsekvenser og/eller aminosyresekvenser, og det kan findes via dette link:

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

Opgave – Identifikation af pattedyr-DNA ekstraheret fra oplagret blod i igler og opformeret ved hjælp af PCR

Som beskrevet side 174-175 i Genetikbogen har forskere været i stand til at isolere og opformere mitokondrielt DNA fra pattedyrblod som igler havde suget i en regnskov i Vietnam. Efter DNA-sekventering havde forskerne bl.a. fundet frem til følgende sekvenser:

Prøve 1

AAAAAATCCTCCGAGCGATTTTAAAGACTAGACCCACAAGTCAAATCACTCTATCGCTCATTGATCCAAAACTTGA

Prøve 2

TCAAAATTTTGGATCAATAAGTGATGTTATGGTTATTTTACTGGTTTGTCTAGATTAATACTCGGAGGGTTTTTT

Prøve 3

TCAAATTTTGGATCAATAAGCGATAATTTGGTTTACTTGTAGGTCTAGTCTTAAATCGTTCGGAGGATTTTTT

Prøve 4

TCAATTTTGGATCAATAAGCGATTATGTGATTTGACCTGTGGGTCTGGTCTTAAATCGCTCGGAGGATTTTTT

Prøve 5

AGAACAACCTCCGAGTGATTTAGCACAGACAGACCAGTCGAAGCATTTCATCATTTATTGATCCAATAACTTGA

Prøve 6

TATAGAGTGAAAGCAATGGGCTACATTTTCTAAAATAGAATATACG

Ved hjælp af Genbank og programmet BLAST, kan man nu identificere hvilke dyr disse basesekvenser stammer fra:

1. Gå ind på BLAST-hjemmesiden og vælg BLAST-programmet 'nucleotide blast'.
2. Markér og kopiér én af de otte basesekvenser ind i feltet under 'Enter Query Sequence'. Fordel evt. sekvenserne mellem jer i klassen.
3. Vælg 'nucleotide collection' som database.
4. Vælg 'mammals' (pattedyr) som organisme.
5. Skriv 'mitochondrial' i 'Entrez query'
6. Sæt flueben ved 'show results in a new window', og klik på BLAST.
7. Vent! – programmet laver nu en søgning.

Du får nu et 'alignment' altså en sammenligning, der indeholder følgende:

- a. En grafisk illustration der viser hvor identisk den ukendte sekvens er med de 100 sekvenser, den ligner mest.
 - b. En beskrivelse af hvilke organismer de 100 sekvenser stammer fra og hvor stor en procentdel af en sekvens der er identisk med den ukendte sekvens.
 - c. En 'alignment-oversigt' hvor den ukendte sekvens er sammenlignet direkte med hver af de 100 sekvenser.
8. Find det latinske navn på det pågældende dyr, og find ud af hvilket dyr der er tale om.
9. Stemmer dine søgninger overens med de dyr som forskerne fandt? Se Genetikbogen side 175.