

## A. Virtual ribosome

Formålet med øvelsen er at blive bekendt med codons og læserammer på et DNA-molekyle. Læs evt. om dette på følgende link:

<http://www.biotechacademy.dk/Undervisningsprojekter/Gymnasiale-projekter/Bioinfo/1-Teori2/1-Codons>

1. Du skal bruge programmet Virtual Ribosome, som kan lave en online translation af en mRNA-streng.

- Gå til Virtual Ribosome: <http://www.cbs.dtu.dk/services/VirtualRibosome/>
- Kopier mRNA-sekvensen af amylase ind i feltet i Virtual Ribosome.
- Translater sekvensen i Virtual Ribosome med standardindstillingerne ved at klikke på 'submit query'-knappen.

Programmet viser nu en 'translation report', hvor du kan se følgende:

- mRNA sekvensen hvor baserne tre og tre er blevet oversat til en aminosyre.
- Nogle tegn '>>>' og ')))' og '\*\*\*' under sekvensen. '>>>' betyder at her kan være en startcodon. ')))' betyder at her kan være en alternativ startcodon. '\*\*\*' betyder at her kan være en stopcodon.

Spørgsmålet er om aminosyresekvensen er den rigtige, for en dobbeltstrenget DNA-streng kan som nævnt i linket om codons og læserammer aflæses i seks forskellige læserammer.

2. Prøv nu at translaterere sekvensen med hensyn til den mest almindelige startcodon ATG. Dette vil ikke ændre læserammen, dvs. translationen vil stadig starte på position 1 på den positive DNA-streng. Derimod vil translationen give det længste protein, der har ATG som startcodon, og ikke translaterere hele sekvensen som før.

- Du går tilbage med pilen øverst til venstre.
- Til denne søgning skal feltet 'OFR finder' ændres til 'Start codon: strict', klik derefter på 'submit query'.
- Hvor langt er dette protein?
- Vil du antage at dette er det korrekte protein?

Ved at vælge 'Start codon: strict' kan man nemt visualisere den længste aminosyresekvens (mellem start- og stopcodon) fra en given læseramme. Som regel vil man således hurtigt kunne danne sig et overblik over hvorvidt det er en korrekt translation, da en peptidsekvens skal have en vis længde for at udgøre et funktionelt protein.

3. Prøv nu at translaterere sekvensen med strict startcodon på alle seks læserammer. Ved at kombinere alle seks læserammer og have en strict startcodon vil Virtual Ribosome finde den længste translaterede sekvens, der har ATG som startcodon på tværs af alle læserammerne.

- Til denne søgning skal feltet 'Reading frame' ændres til 'All (6 reading frames)', klik derefter på 'submit query'.
- Hvor langt er dette protein, og hvilken læseramme er blevet brugt til translationen?
- Som nævnt finder Virtual Ribosome den længst translaterede sekvens, men kan det altid antages at denne translation giver det korrekte protein? Hvorfor/hvorfor ikke?