

Pussla med DNA

Introduktion och material till övningen

Varför inte göra en rolig, praktisk övning som förklarar vad gener och proteiner är? Övningen, i form av ett pussel, The Mycomuncher DNA Puzzle, är praktisk och konkret och visar hur det går till när DNA-koden i en gen översätts till ett protein. Den bygger på ett material framtaget av Dr. Johan Leveau, Netherlands Institute of Ecology och beskrivs på institutets webbsida: www.nioo.knaw.nl/games/collimonas/content/index.htm, samt i artikeln "Fun with genomes: the Mycomuncher DNA Puzzle" i tidskriften *Science in School* nummer 5 2007, se www.scienceinschool.org/2007/issue5/dnapuzzle. Pusslet kan inköpas från Netherlands Institute of Ecology, men man kan också få tillgång till beskrivning och själv tillverka materialet, se information på ovanstående webbsida. Ytterligare möjlighet är att utifrån de idéer som presenteras nedan själv konstruera ett pussel tillverkat i trä eller i papper. Om du vill arbeta med verkliga proteiner kan du gå in på databanken Swiss-Prot (www.expasy.org/sprot) och välja Swiss-Prot/TrEMBL i sökrutan överst till vänster, samt skriva in sökord för organismer eller proteiner i rutan till höger. Dett leder vidare till aminosyrasekvenser som kan användas för konstruktion av pusslet.

The Mycomuncher DNA Puzzle utgår från forskning på den svampätande bakterien *Collimonas fungivorans*. Namnet *Mycomuncher* kommer av det grekiska ordet *myco* som betyder svamp och det engelska ordet *muncher* som betyder mumsa på. Forskningen är mycket intressant eftersom den kan ge kunskap om hur svampinfektioner kan förhindras och behandlas hos människor, djur och växter. Bakterien används som ett exempel i denna övning. Information om forskningen och *Collimonas fungivorans* finns på institutets webbsida, se webbadress ovan.

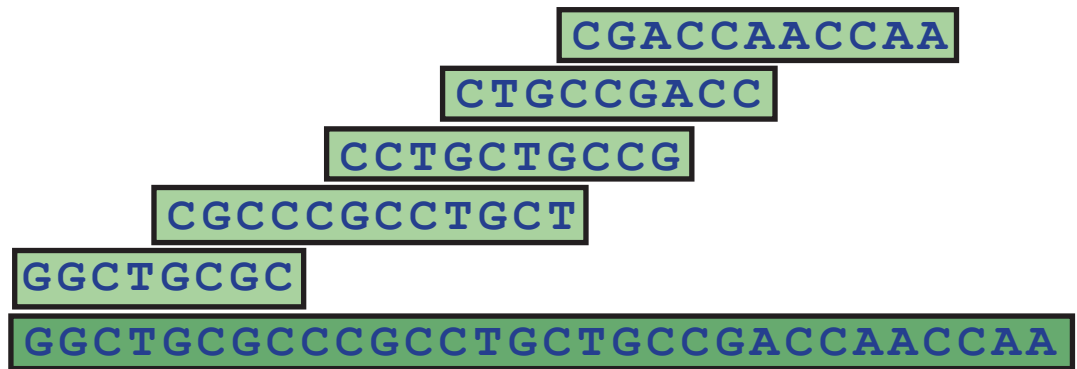
Övningen visar arbetsgången när man tar reda på vilket protein som motsvaras av en viss DNA-sekvens. Övningen börjar med att korta DNA-sekvenser sätts samman till en gen. Långa nukleotidsekvenser kan inte sekvenseras i ett stycke utan måste delas upp i fragment som sekvenseras var för sig och därefter sätts samman. Övningen visar denna smarta snabbversion för analys av DNA som företaget Celera använde vid sekvenseringen av humant DNA. Utifrån nukleotidsekvensen byggs sedan en mRNA-molekyl och en kompletterande aminosyrasekvens. I det material som utvecklats vid Netherlands Institute of Ecology studeras sedan funktionen hos det protein som bildas och hypoteser ställs om proteinets roll beträffande den svampätande funktionen hos bakterien.

Uppgifter

1. Den första uppgiften är att pussla ihop fem DNA-sekvenser (gröna) till en sammanhängande sekvens enligt en mall (orange). Pusslet är gjort så att det finns olika DNA-sekvenser på alla fyra sidorna på de korta sekvenserna (gröna) och matchande fyra sekvenser på mallstaven (orange). I figuren nedan visas endast den ena sidan på stavarna.

Uppgiften visar att det inte är möjligt att bestämma DNA-koden i alltför långa DNA-sekvenser. Den ursprungliga DNA-sekvensen som ska bestämmas måste först delas i mindre bitar och

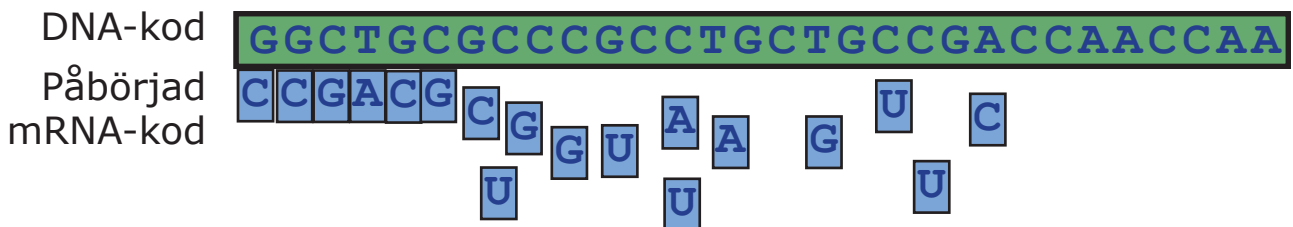
Fem DNA-sekvenser kombineras till en



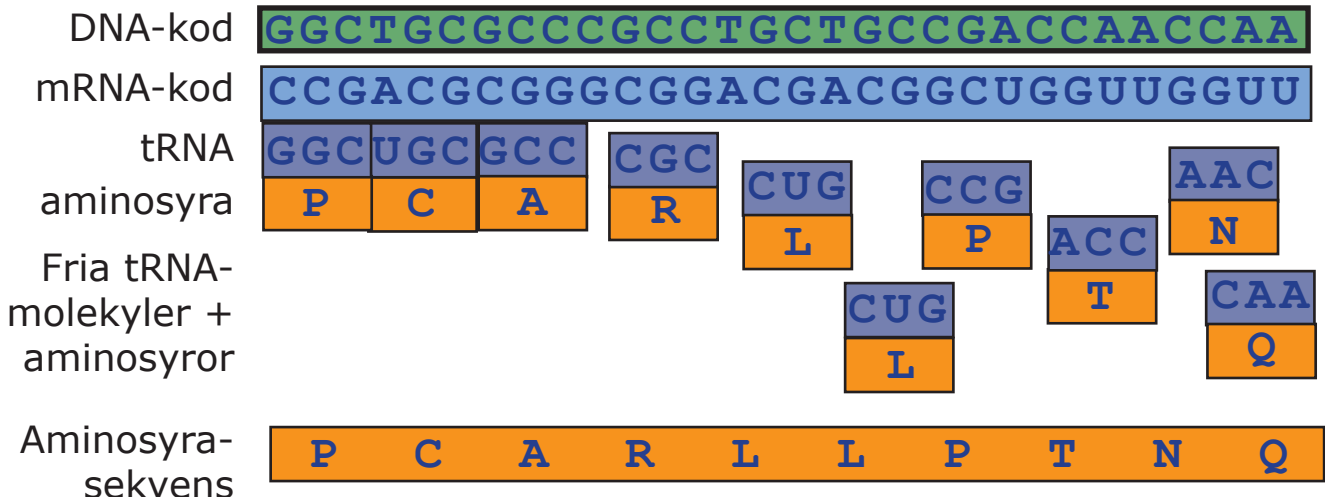
sekvenserna i varje bild bestäms separat. Därefter sätts dessa samman, i likhet med ett pussel, så att man får hela DNA-sekvensen. Den sekvens som bildats av de fem DNA-delarna motsvarar en gen i bakterien *Collimonas*.

2. Om du vill följa processen från en gen till ett protein så som den tillgår i en levande cell blir nästa uppgift är att översätta genens DNA-sekvens till mRNA. Använd bitar med lösa RNA-nukleotider för att bygga en komplementär RNA-kod (blå).

I det ursprungliga pusslet ingår inte mRNA. Syftet är här enbart att följa processen från sekvensering av DNA till hur man kan spåra vilket protein som bildas. Fördelen att ha med RNA är att kunna visa den naturliga processen och kunna utnyttja den kod som används för att översätta mRNA-koden till aminosyrasekvens.



3. I nästa steg gäller det att översätta mRNA-koden till aminosyrasekvensen i det protein som bildas. Till mRNA-sekvensen (ljusblå) fogas komplementära tripletter med tRNA (mörkblå) i kombination med en viss aminosyra (orange). Den färdiga aminosyrasekvensen, som är en del av ett protein syns längst ner (orange).



Aminosyrasekvensen behöver sedan jämföras med sekvenserna hos redan analyserade proteiner för att söka efter ett protein som har störst likhet. I det färdiga pusslet ingår en lista med proteiner med kända funktioner från andra organismer. Ett av dessa proteiner innehåller en liknande aminosyrasekvens som sekvensen ovan. I nästa steg gäller det att fundera över vilken funktion proteinet har för att bakterien *Collimonas fungivorans* ska kunna bryta ner svamp. Ett exempel är proteinet kitinas som bryter ner kitin, ett ämne som finns i cellväggen hos svamp. En hypotes är att bakterien använder detta enzym för att bryta ner cellväggen och komma åt näringsämnen i svampcellen. I det färdiga pusslet ingår en modell som visar interaktionen mellan *Collimonas fungivorans* och en svamp.

För att få en uppfattning om vilka proteiner som hittills registrerats för *Collimonas fungivorans* kan man gå in på webbsidan från databanken UniProt (<http://www.uniprot.org/uniprot/>) och skriva in *Collimonas fungivorans* i sökrutan överst på sidan.