



Gör ett eget case

Hepatit C

När man förstått hur virusdatabasen fungerar så kan man konstruera egna "case" med tillhörande historier och problemställningar.

För att ta fram en sekvens att utgå från (Patientens virus-sekvens) letar man först fram en riktig sekvens i databasen från något land som är intressant att använda för det "Case" man vill bygga. Sedan förändrar man sekvensen lite ("muterar") i en textredigerare (word) och låter den bli Patientens virus-sekvens.

Refine Results	Reset
Virus/Taxonomy	+
Hepatitis C virus subtype 3a, taxid:356426	x
Accession	+
Sequence Length	+
Min: 1000 Max: 2000	x
Ambiguous Characters	+
GenBank/RefSeq	+
Assembly Completeness	+
Nucleotide Completeness	+
Isolate/Strain Name	+
Genotype New!	+
Has Proteins	+
polyprotein	x
Provirus/Integrated	+
Geographic Region	+

På virusdatabasens startsida väljer man "Search by virus" (se bilden ovan).

1. Skriv in "hepatitis C" i sökrutan, vänta och välj en av de olika hepatit C-genotyper (subtyper) som visas. Träffbilden visar alla sekvenser av en viss subtyp, en blandning av sekvenser som är allt från korta nukleotidsekvenser till hela genomet.
2. För att minska antal kolumner, klicka på "Select columns" till uppe höger om tabellen. Ta bort alla kolumner utom *Accession*, *Coverage*, *Identity*, *Score*, *Geo Location*. Klicka på *Apply* (långt ner).
3. För att få en lagom lång sekvens, använd "Refine Results" i menyn till vänster på webbsidan och följ instruktionerna i punkterna 5-7.
4. Klicka på + efter "Sequence length". Fyll i Min 1000 och Max 2000 (enheten är baspar, bp).
5. Klicka på + efter "Has proteins" och fyll i poly och välj "polyprotein" för att få träffar på sekvenser för genen POLY.

I bilden till vänster visas hur det ska se ut när du fyllt i rätt filtrering av sekvenserna.

- Titta nu i tabellen med de sökträffar du filterat fram. Klicka på kolumnen "Geo location" för att sortera träffarna efter land om du vill ha sekvenser utifrån en viss plats.
- I kolumnen "Accession" anges alla träffarnas unika accessionsnummer (ett slags ID-nummer för en träff i databasen). Klicka på ett accessionsnummer. Ett fönster öppnas (se bild nedan) som visar några detaljer. I fönstret finns accessionsnumret överst. Klicka på det numret och du kommer till sidan med alla information, inklusive själva sekvensdatat.

Nucleotide (1,036)			Protein (1,028)			RefSeq Genome (1)		
Accession	Release Date	Species	Nucleotide Details					
LC435023	2019-05-24	Hepacivirus C	LC435023 Hepatitis C virus subtype 6e N12 ORF1 protein, complete cds (Yan					
LC435024	2019-05-24	Hepacivirus C	Attributes Nuc Completeness: partial Length: 9341 Mol Type: RNA Geo Location: Cambodia Collection Date: 2012-08-22					
LC435027	2019-05-24	Hepacivirus C						
LC435028	2019-05-24	Hepacivirus C						
EF424625	2007-04-26	Hepacivirus C						

Skärmdump efter att du följt instruktionerna i punkt 7. Klicka på inringat ID-nummer för att komma vidare.

- När du fått fram sidan med all information. Klicka på FASTA (se bild nedan) och kopiera den sekvens du får fram och klistra in i ett textdokument. Programmet "Anteckningar" (Notepad) fungerar utmärkt för detta. Word kan ställa till problem i vissa fall på grund av formatmallar.

Hepatitis C virus subtype 6e

GenBank: LC435023.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to:

LOCUS LC435023 9341 l

DEFINITION Hepatitis C virus subtype 6e f
complete cds.

ACCESSION LC435023

VERSION LC435023.1

KEYWORDS .

SOURCE Hepatitis C virus subtype 6e

ORGANISM [Hepatitis C virus subtype 6e](#)

Bild som visar en sökträff för sekvensdata för en hepatit C av subtyp 6e. Ett klick på "FASTA" tar dig till nukleotidsekvensen som sedan kan kopieras.

- Ta fram en "patientsekvens", det vill säga en sekvens som ska motsvara det virus som patienten blivit smittad, som liknar den sekvens du sökt fram. Detta gör du genom att redigera sekvensen (mutera) på valfritt sätt så att den skiljer sig lite åt från originalet. Du kan exempelvis byta ut något A mot ett C i en position eller ta bort en enstaka kvävebas ur sekvensen.
- Formulera ditt "Case" med bakgrundsinformation och problem som ska lösas genom att utgå från den patientsekvens du tagit fram.

Samma metoder som beskrivits ovan fungerar för vilket virus som helst som finns i databasen. Det går att variera i det oändliga. Istället för att skriva in hepatitis C kan du exempelvis söka på HIV, ebola, influensa eller något annat virus du är intresserad av.