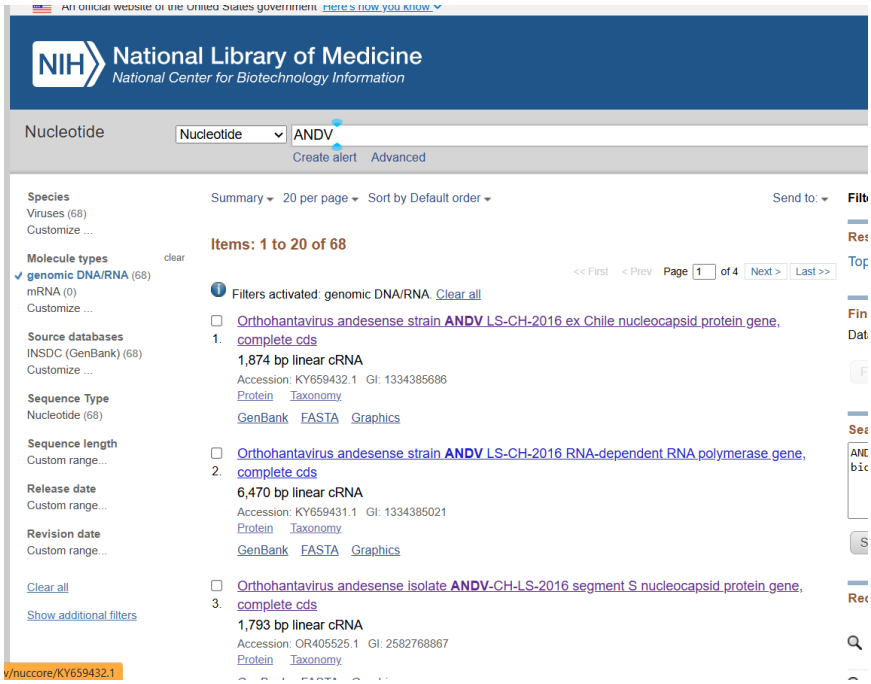
Naloga:

Navodilo: *Vaša naloga je da poiščete vse tri genomske zapise za segmente in napišete kako so poimenovani, ter kakšna je njihova dolžina.*

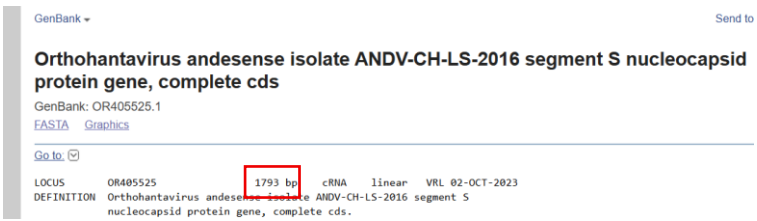
Kopiramo ANDV in ga prilepimo v GenBank. Pri filtriranju na genomic DNA/RNA dobimo 68 zadetkov.

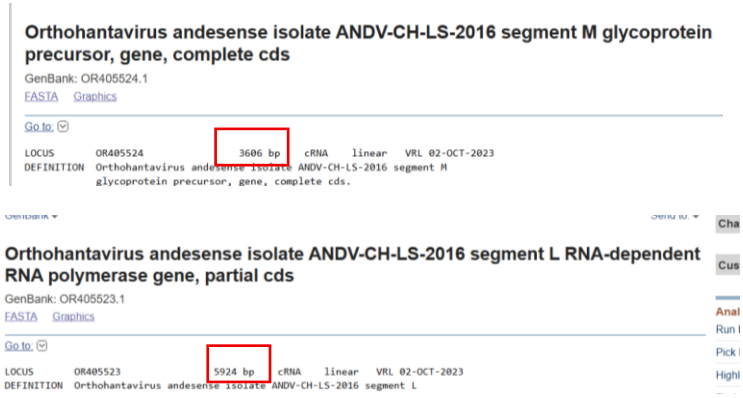


med rezultati identificiramo tri segmente:

Rešitev: S, M, L

Njihove dolžine: ko odpremo zadetke za vsak segment posebej poiščemo njihove dolžine





Rešitev: S: 1793 bp, M: 3606 bp, L: 5924 bp

Navodilo: *Zapišite katere proteine kodirajo posamezni segmenti.*

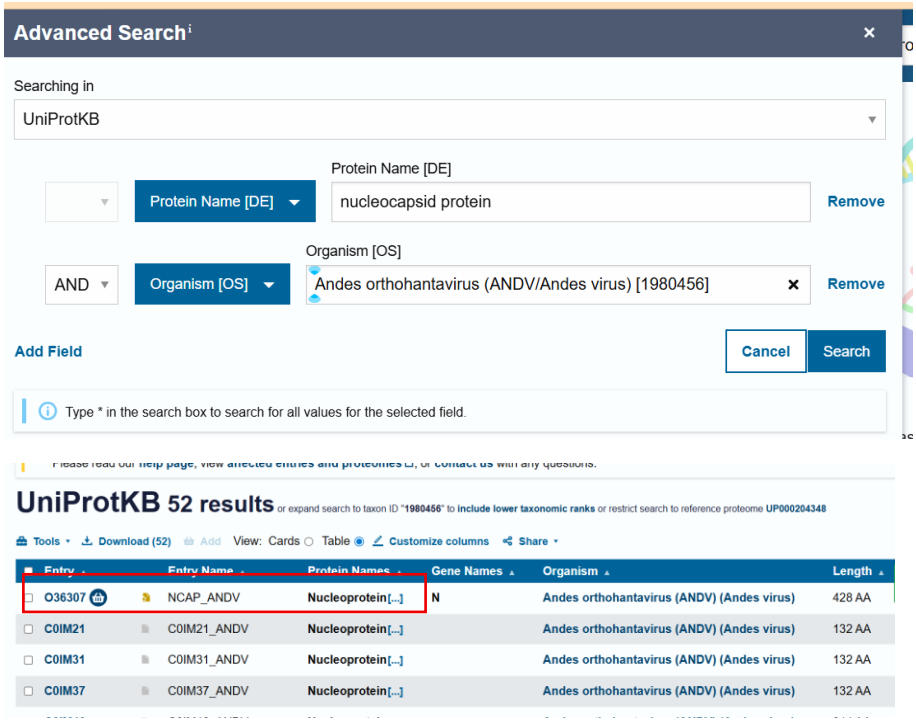
Proteini za katere kodirajo segmenti – razberemo že iz samega imena.

Rešitev:

S: nukleokapsidni protein – protein jedrne kapside
M: prekurzor glikoproteina
L: RNA-odvisno RNA polimerazo

Navodilo: *Za protein, ki ga kodira najkrajši segment zapišite UniProt accession code.*

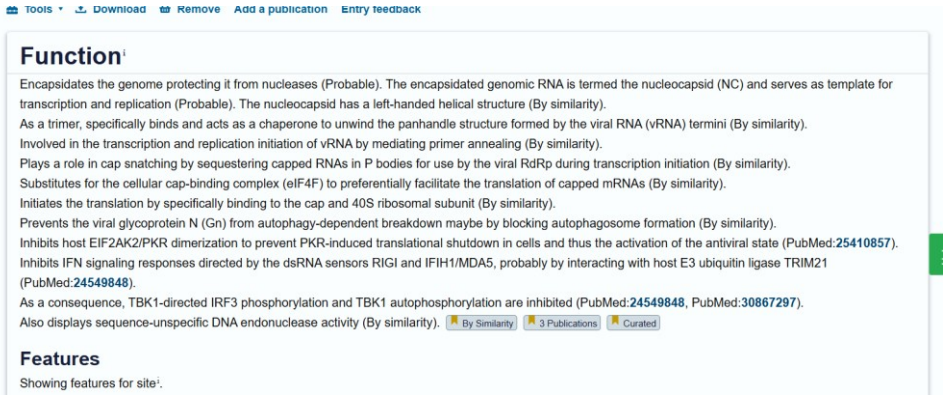
Odpremo UniProt in na advances search vpišemo ime proteina ter filtriramo organizme.



Rešitev: Uniprot accession code: O36307

Navodilo: *Navedite 3 funkcije tega proteina.*

Odpremo ustrezen zadetek in si pod razdelkom Function preberemo funkcije proteina.



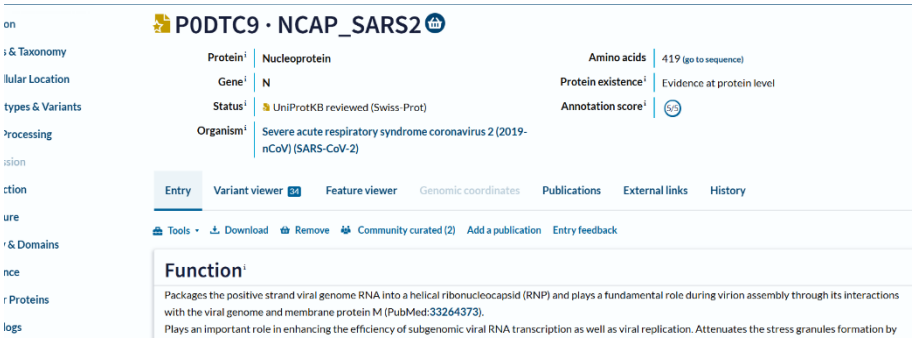
Rešitev: 3 funkcije proteina:

vse možne rešitve:

- zaščita virusnega RNA genoma pred razgradnjo z nukleazami,
- tvorba nukleokapside okoli virusne RNA,
- sodelovanje pri transkripciji in replikaciji virusne RNA,
- odvijanje »panhandle« strukture virusne RNA,
- pomoč pri začetku replikacije/transkripcije z vezavo začetnih oligonukleotidov,
- sodelovanje pri »cap snatching« procesu,
- omogočanje translacije virusnih mRNA,
- vezava na kapo mRNA in 40S ribosomsko podenoto,
- zaščita virusnega glikoproteina Gn pred avtofagijsko razgradnjo,
- zaviranje PKR/EIF2AK2 signalne poti in preprečevanje zaustavitve translacije,
- zaviranje interferonskega protivirusnega odziva preko vpliva na RIG-I/MDA5 signalizacijo.

Navodilo: *Poiščite ustrezen protein in ga primerjajte s proteinom iz Andskega virusa. Ali bi ocenili, da sta si zaporedji med seboj podobni? (torej proteina iz *Andes virus* in SARS-CoV-2)*

V UniProtu vpišemo: Nucleoprotein ter filtriramo rezultate za SARS-CoV-2. Najdemo protein:

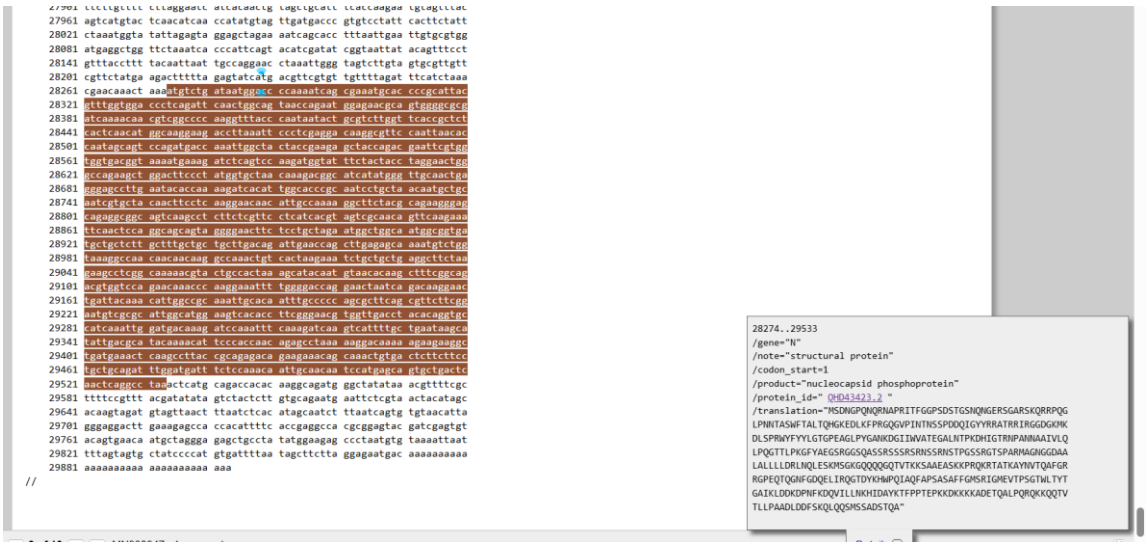


Proteina nato primerjamo z uporabo EMBOSS Needle – primerjava pokaže da si zaporedji med seboj nista precej podobni.

```
########################################

#=======================================
#
# Aligned_sequences: 2
# 1: EMBOSS_001
# 2: EMBOSS_001
# Matrix: EBLOSUM62
# Gap_penalty: 10.0
# Extend_penalty: 0.5
#
# Length: 510
# Identity:      91/510 (17.8%)
# Similarity:   147/510 (28.8%)
# Gaps:         173/510 (33.9%)
# Score: 45.5
#
#
#=======================================

EMBOSS_001         1 MSTLQELQENITAHEQQLVTARQKLKDAEKAVEVDPDDVNKSTLQSRRAA     50
                       :.:|          ..|..::|.:.....|.|...|.....|:.
EMBOSS_001         1 ------MSDN----------GPQNQRNAPRITFGGPSDSTGSNQNGERSG     34

EMBOSS_001        51 VSTLETKLGELKRQLADLVAAQKLATK----------PVDPTGLEPDDH     89
```

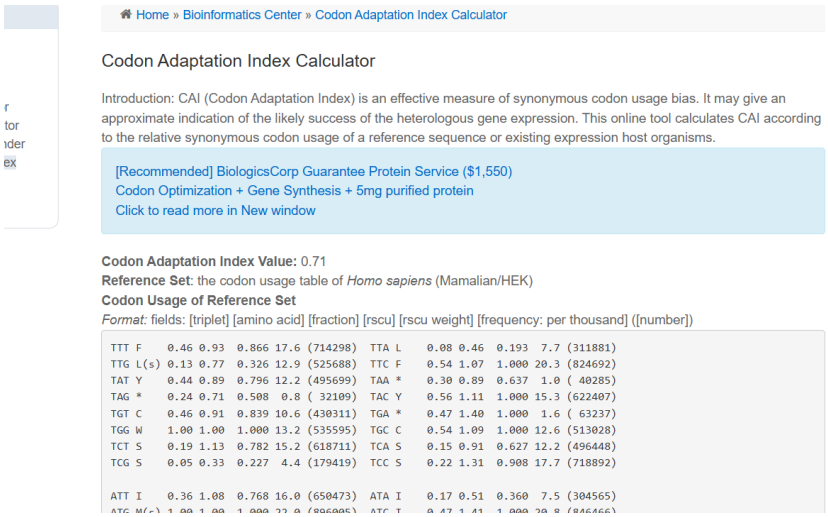
Navodilo: *Kateri izmed virusov je bolje prilagojen translacijskemu sistemu človeka? Razloži.*

Za nukleokapsidni protein SARS-CoV-2 poiščemo kodirajoče zaporedje in ga kopiramo.

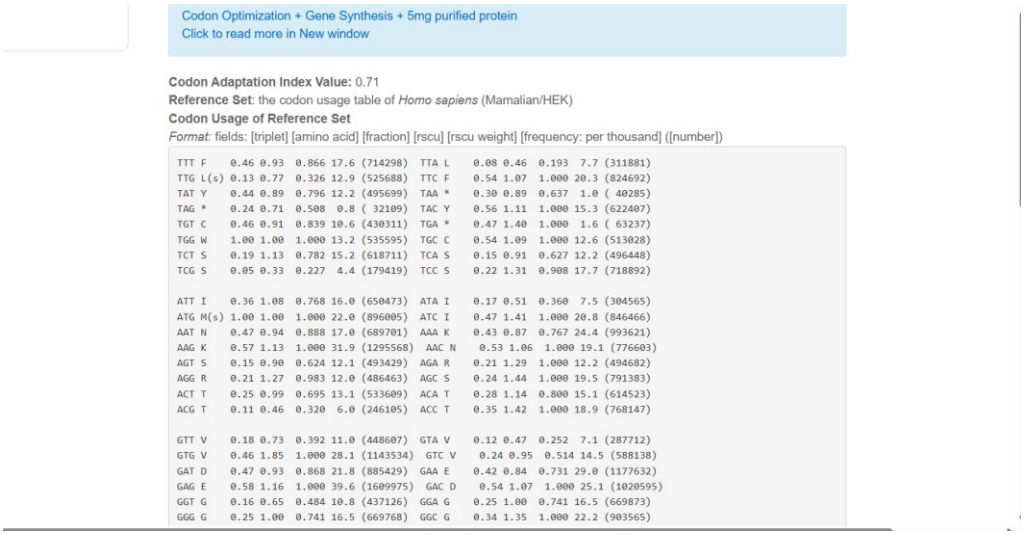


Po navodilih v nalogi odpremo spletno orodje CAI calculator in nastavimo ekspresijski sistem. Prilepimo kodirajoče zaporedje v polje Target DNA Sequence in pritisnemo Calculate Codon Adapatation Index Now. Za analizo

kaj pomeni Codon Adapatation Index Value uporabimo Google, ki nam pove, da bližje kot je CAI 1, boljša je prilagojenost ekspresijskemu sistemu.



Orthohantavirus andesense



SARS-CoV-2

Rešitev: vidimo da je rezultat za obe primerjavi enak kar pomeni da oba virusa podobno učinkovito izkoriščata človeške tRNA.