

# الأداة ORF Finder

**ORF Finder (Open Reading Frame Finder)** - هي أداة للتنبؤ بإطار القراءة المفتوح، أي تسلسل النوكليوتيدات المُشفَّر للبروتين.



**ORF Finder (Open Reading Frame Finder)** - هي أداة للتنبؤ بإطار القراءة المفتوح، أي تسلسل النوكليوتيدات المُشفَّر للبروتين، يحتوي كل مقطع من الـ DNA على 6 أطر قراءة مُحتملة، 3 أطر من كل جديلة، تختلف الأطر الموجودة في نفس الجديلة عن بعضها بالموضع الذي يبدأ فيه الكودون الأول. عادةً إطار قراءة واحد فقط من بين هذه الأطر هو إطار القراءة المفتوح المُشفَّر إلى البروتين، وهو ذلك الإطار الذي يحتوي على التسلسل المُشفَّر المُحتمل الأطول. الأداة ORF Finder تستقبل تسلسل من النوكليوتيدات وتجد في كل واحد من أطر القراءة الستة تسلسلات مُشفَّرة مُحتملة (ممكنة). تأخذ الأداة بعين الاعتبار مكان وطول كل تسلسل مُشفَّر مُمكن. بالإمكان تحديد إطار القراءة المفتوح الأكثر احتمالاً وبالتالي التنبؤ بتسلسل الأحماض الأمينية الذي يتكوّن من هذا الإطار. بمُساعدة الروابط للأداة BLAST بإمكان الأداة أيضاً البحث عن جينات أو بروتينات معروفة ذات تسلسل مُشابه للتسلسل الذي نبحثه، وهكذا بإمكاننا التعرف على ماهية التسلسل الذي نبحثه ووظائفه.



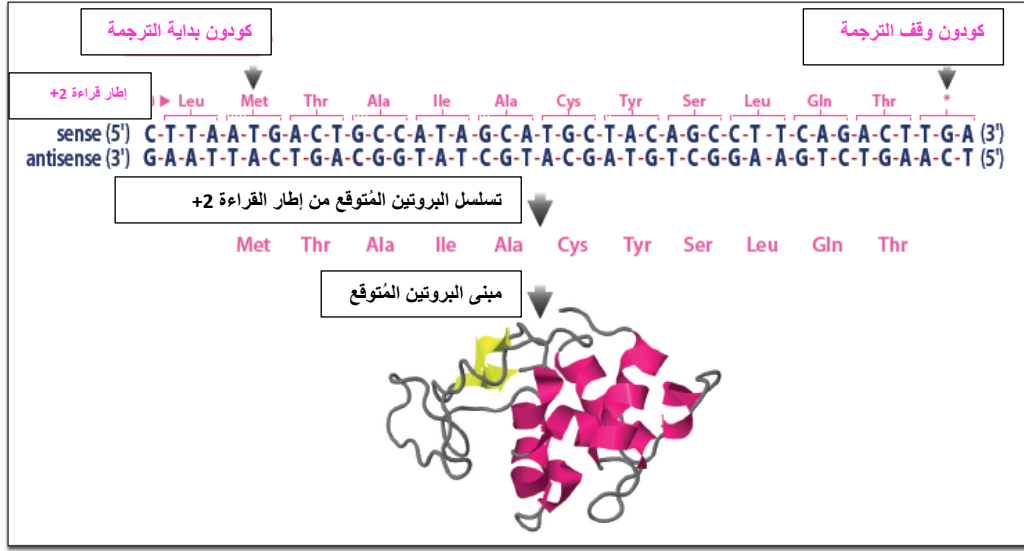
**ORF Finder (Open Reading Frame Finder)** - توجيه للأداة في العنوان

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/>

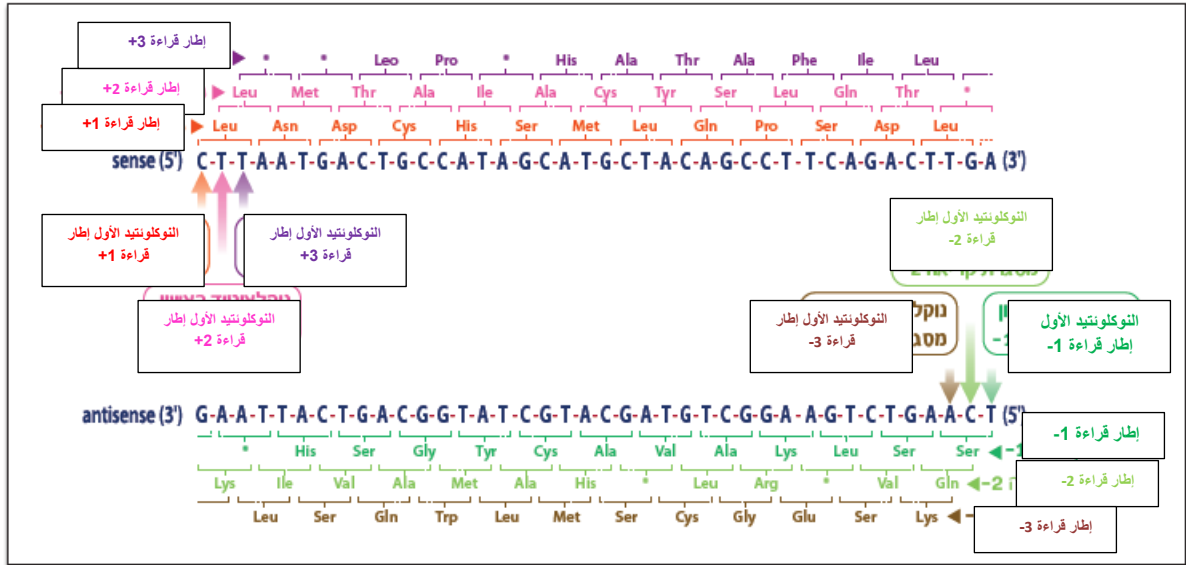


أهلاً بكم في الجولة الإرشادية للأداة **ORF Finder**، الأداة المُستعملة للتنبؤ بتسلسلات النوكليوتيدات المُشفَّرة للبروتينات.

مقطع DNA مُشفَّر إلى بروتين يمرُّ في البداية بعملية نسخ (תעתוק) لجزيئة RNA رسول، تتمُّ ترجمة هذه الجزيئة فيما بعد إلى بروتين. أحد التحديّات التي تُواجه الباحثين هي التنبؤ بالمقاطع الموجودة في الجينوم والتي تُشكّل جينات مُشفَّرة للبروتينات، وأيضاً التنبؤ بتسلسل الأحماض الأمينية الناتج من خلال تسلسل النوكليوتيدات.



للقيام بذلك، يجب تحديد إطار القراءة المفتوح من بين أطر القراءة الستة المُمكنة في كل مقطع DNA. كل واحدة من جديلتَي ال DNA تحوي على 3 أطر قراءة: يُشار إلى تلك الموجودة في جديلة ال-sense بالإشارة "+" (زائد)، وإلى تلك الموجودة في الجديلة anti-sense بالإشارة "-" (ناقص). تختلف أطر القراءة الموجودة في نفس الجديلة بالموضع الذي يبدأ فيه الكودون الأول، ويُشار لها بالأرقام "1" "2" و "3". إطار القراءة المفتوح الذي يُشَفَّر بالفعل إلى بروتين يُسمّى **Open Reading Frame** أو باختصار **ORF**. من أجل إيجاد إطار القراءة المفتوح، يجب أن نبحث عن تسلسل نوكليوتيدات طويل قدر الإمكان، بدايته بكودون بداية ترجمة، استمراره كودونات تُشَفَّر إلى أحماض أمينية، وينتهي بأحد كودونات وقف الترجمة.



## واجهة الأداة ORF Finder

تستقبل الأداة تسلسل من النوكليوتيدات وتعتبر كل تسلسل النوكليوتيدات الذي تستقبله تسلسلاً مُشَقَّرًا مُمكنًا، لذلك من المقبول أن يتم تزويد الأداة بتسلسلات خالية من الانترونات، كتسلسل جينات من كائنات غير حقيقية النواة أو تسلسلات من الـ DNA المُكَمَّل من كائنات حقيقية النواة. بالإمكان إصاق التسلسل في نافذة التسلسلات أو كتابة كود تعرّف السجل Accession number في النافذة المناسبة. من أجل تنفيذ المسح يجب الضغط على OrfFind. الآن تقوم الأداة بمسح التسلسل المُزوّد وتبحث في كل واحد من أطر القراءة الستة عن تسلسلات مُشَقَّرة مُمكنة.

**NCBI ORF Finder (Open Reading Frame Finder)**

The ORF Finder (Open Reading Frame Finder) is a graphical analysis tool which finds all open reading frames of a selectable minimum size in a user's sequence or in a sequence already in the database. This tool identifies all open reading frames using the standard or alternative genetic codes. The deduced amino acid sequence can be saved in various formats and searched against the sequence database using the WWW BLAST server. The ORF Finder should be helpful in preparing complete and accurate sequence submissions. It is also packaged with the Sequin sequence submission software.

Enter GI or ACCESSION

or sequence in FASTA format

AGGATCCCAAGGCCAAGCTCCCGAAGCCACTCAGGGTCTCTGTGGACAGCTCACC  
TAGC TGCAATG... TTGGCCTGC  
TCTGCTTGGC... CTATCCCA  
GGCTTTTGA... GGCCTTTG  
ACACCTTCCA... GTATTTCAT  
TCTTGCAGAA... GACACCTC  
CCAACAGGGAG... GCACTCTCCC  
TGTGCTCATCCAGTGGTGGCTGG...

FROM:  TO:

Genetic codes 1 Standard

**وصف الأداة**

**لحظن لايتور**

**زر لإيجاد أطر القراءة**

**نافذة تزويد تسلسل النوكليوتيدات**  
من المقبول تزويد تسلسلات خالية من الانترونات، أي تسلسلات من كائنات غير حقيقية النواة أو تسلسلات DNA مُكَمَّل



لفحص تسلسل الأحماض الأمينية المتوقع من أحد أطر القراءة المفتوحة المُمكنة، يجب الضغط على إشارة التسلسل في الوصف البياني من الجهة اليسرى أو على الوصف الكلامي من الجهة اليمنى. نختار التسلسل المُشفر النظري الأطول، عندها سيتغير لون هذا التسلسل إلى اللون الزهري. تعرض الأداة تسلسل النوكليوتيدات وتسلسل الأحماض الأمينية المتوقع – كل حامض أميني تحت الكودون المُشفر له. حتى يكون الأمر سهلاً بالنسبة للمستخدم، يتم تلوين كودونات بداية الترجمة المُمكنة باللون الأزرق التوركيذ، وكودون وقف الترجمة باللون الزهري. يُعرض في بداية كل سطر رقم الموضع لتسلسل النوكليوتيدات. في للتسلسل الذي اخترناه – التسلسل المُمكن الأطول والموجود في إطار القراءة +3 - توجد عدّة كودونات بداية ترجمة مُمكنة، الترجمة التي تبدأ في كودون بداية الترجمة الأول، تؤدي إلى إنتاج بروتين بطول 217 حامض أميني.

**NCBI ORF Finder (Open Reading Frame Finder)**

PubMed Entrez BLAST OMIM Taxonomy Structure

Anonymous

Program: blastp Database: nr BLAST with parameters Cognitor

View 1 GenBank Redraw 100 SixFrames

Frame	from	to	Length
+3	63	716	654
+1	529	804	276
+2	2	172	171
-3	242	388	147
-2	606	731	126
-3	713	820	108
+3	717	821	106

التسلسل المُشفر المُحتمل الذي تم اختياره

إطار القراءة +3

طول التسلسل المتوقع (أحماض أمينية)

تسلسل النوكليوتيدات المُشفر

زر لا اختيار تسلسل مُشفر مُمكن

تسلسل الأحماض الأمينية المُتوقع

كودونات بداية ترجمة موجودة في إطار القراءة

كودون وقف ترجمة موجود في إطار القراءة

Length: 217 aa

Accept Alternative Initiation Codons

63 atgggtacacagggtccggagcttccctggtctctggtcttttggcctg  
 A T G S R T S L L L A F G L  
 108 ctctgacctgacctggctccaagagggcagtgacctccaaccatt  
 L C L P W L Q E G S A F P T I  
 153 cccttatccagggtttttgacaagctctctccggcccatcgt  
 P L S R L F D N A L R A H R  
 198 ctgcaccagctggcctttgacacctaccaggagtttgaagaagcc  
 L H Q L A F D T Y Q E F E E A  
 243 tatatcccaagggaacagaagtattcattctctgcagaacccccag  
 Y I P K E Q K Y S F L Q N P Q  
 288 acctccctctgtttctcagagctctattccgacacctccaacagg  
 T S L C F S E S I P T P S N R  
 333 gaggaaacacacagaaatccaacctagagctgctccgcctctcc  
 E E T Q Q K S N L E L L R I S  
 378 ctgctgctccatccagctggtgctggagccctgcaagttctcagg  
 L L L I Q S W L E P V Q F L R  
 423 agtgtctctgccaacagcctggtgtaacggcctctgacagcaac  
 S V F A N S L V Y G A S D S N  
 468 gtctatgacctccaaaggacctagaggaaggcaatccaaacgctg  
 V Y D L L K D L E E G I Q T L  
 513 atggggaggctggaagatggcagcccccgactgggcagatcttc  
 G R L E D G S P R T G Q I F  
 558 aagcagacctacagcaagttcgacacaaactcacacaagatgac  
 K Q T Y S K F D T N S H N D D  
 603 gcaactactcaagaactacgggctgctctactgcttcagggaaggac  
 A L L K N Y G L L Y C F R K D  
 648 atggacaaggctcagacattctctgctcctgctcagtgccgctct  
 D K V E T F L R I V Q C R S  
 693 gtggagggcagctggtgcttcctcag 716  
 V E G S C G F

يجب أن يحتوي إطار القراءة المفتوح المُشَفَّر للبروتين على كودون بداية ترجمة وكودون وقف ترجمة. في بعض الأحيان تعرض الأداة أيضًا تسلسل مُشَفَّر مُمكن لا يحتوي على هذه الكودونات، على افتراض أن كودون بداية الترجمة موجود قبل التسلسل الذي تم تزويده للأداة (بمعلة الرافعة)، أو أن كودون وقف الترجمة موجود بعد التسلسل المُزوَّد للأداة (بمورد الرافعة). في هذه الحالات يجب التأكد من أن الكودونات "الناقصة" موجودة بالفعل في تنمة التسلسل، إذا لم تتواجد هذه الكودونات – فليس لهذا التسلسل أي معنى.

**NCBI ORF Finder (Open Reading Frame Finder)**

PubMed Entrez BLAST OMIM Taxonomy Structure

Anonymous

Program blastp Database nr BLAST with parameters Cognitor

View 1 GenBank Redraw 100 SixFrames

Frame	from	to	Length
+3	63	716	654
+1	529	804	276
+2	2	172	171
-3	242	388	147
-2	606	731	126
-3	713	820	108
+3	717	821	106

التسلسل المُشَفَّر المُمكن الذي تم اختياره

Length: 35 aa

Accept Alternative Initiation Codons

```

717 ctgccgggtggcatccctgtgacccctcccagtgccctctctg
  L P G W H P C D P S P V P L L
762 gccctggaagttgccactccagtgcccaccagccttgctctaata
  A L E V A
807 aaattaagttgcat
  K L S C I

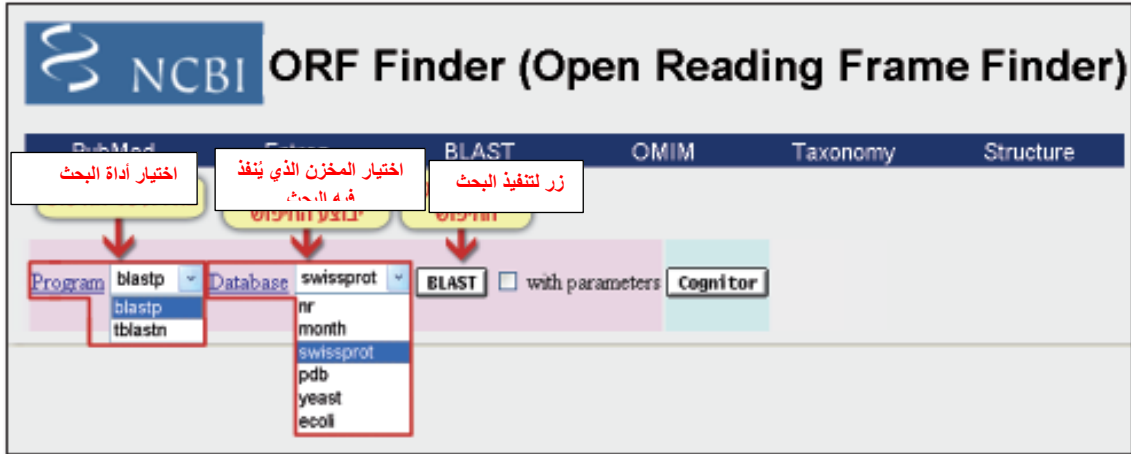
```

مثال لتسلسل مُشَفَّر مُمكن ينقصه كودون بداية ترجمة وكودون وقف ترجمة.

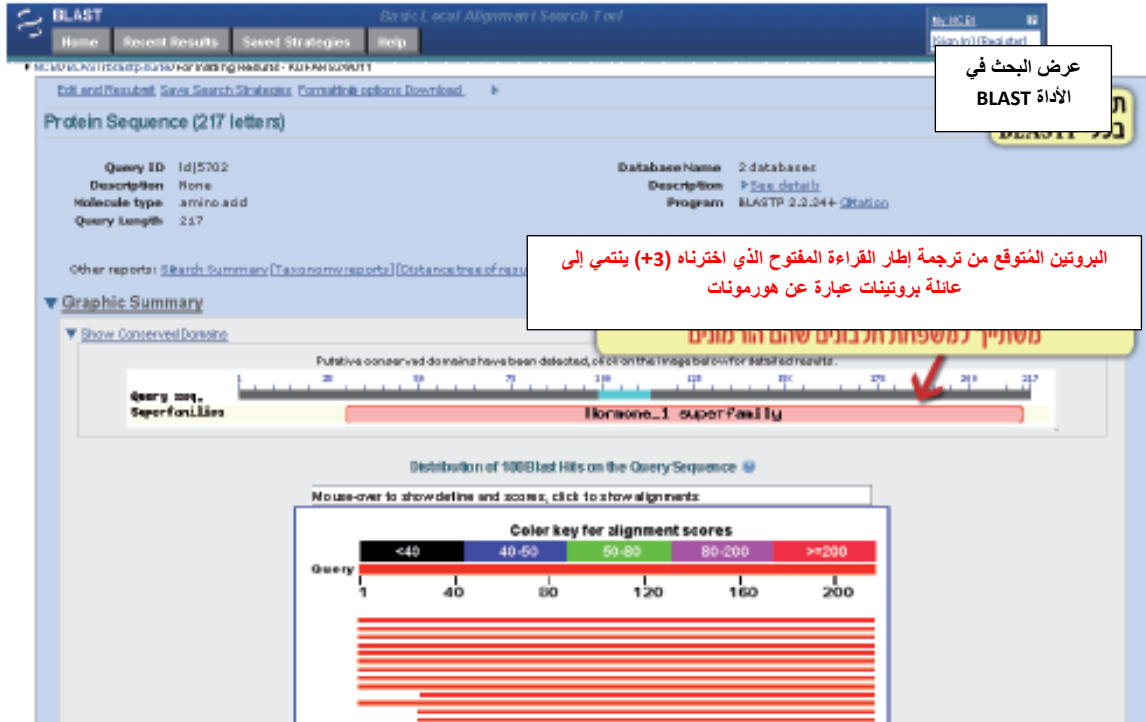
دعنا نرى

## تحليل تسلسل البروتين المُتوقَّع

في بعض الأحيان بعد إيجاد إطار القراءة المفتوح وتسلسل البروتين المُتوقَّع، نرغب بفحص كون هذا الإطار يُشَفَّر فعلاً إلى بروتين حقيقي، من هو هذا البروتين وإذا كان هذا البروتين يُشبه بروتينات أخرى معروفة. تُمكننا الأداة ORF Finder من تنفيذ بحث عن التسلسل المُشَفَّر الذي اخترناه أو تسلسل البروتين المُتوقَّع بواسطة الأداة BLAST، مُحرك بحث عن التسلسلات. في النافذة Program نختار أداة البحث التي نرغب بها؛ عادة نختار blastp التي تبحث في مخزن تسلسلات بروتينات. نختار المخزن الذي نُنفِّذ فيه البحث في نافذة database؛ عادة نختار المخزن ذو الجودة العالية Swissprot. نُنفِّذ البحث بواسطة الضغط على .BLAST



نرى في هذا المثال أنّ تسلسل البروتين المُتوقَّع من إطار القراءة المفتوح الذي اخترناه هو هرمون؛ هرمون النمو لدى الإنسان (هورمون הגדילה).



## تلخيص

تعرض الأداة ORF Finder التسلسلات المُشفَّرة المُمكنة في أطر القراءة الستة على شكل عرض بياني وكلامي. حيث تعرض لكل تسلسل مُشفَّر مُمكن مكانه في التسلسل الذي زوَدناه للأداة، تسلسل البروتين المُتوقَّع منه وكودونات بداية ووقف الترجمة المُمكنة الموجودة في التسلسل. هكذا يستطيع المُستخدم تحديد إطار القراءة المفتوح المُرجَّح وفي أغلب الأحيان يكون هذا الإطار هو إطار القراءة الذي يحتوي على التسلسل المُشفَّر الأطول. الروابط للأداة BLAST تُمكن من البحث عن الجينات أو البروتينات المعروفة التي تُشبه بتسلسلها التسلسل الذي نبحثه، وهكذا نستطيع أن نعرف أكثر على التسلسل الذي نبحثه وعن وظائفه.

أنتم مدعوون لاختبار الأداة، نأمل أن تستمتعوا بوقتكم. بالنجاح!