

รหัสพันธุกรรม (Genetic codes) มี 3 รูปแบบคือ

1. DNA อยู่บนโครโมโซม ประกอบด้วย Nucleotide 4 ชนิด คือ Adenine Guanine Cytosine และ Thymine ย่อด้วย A G C และ T

2. RNA ได้จากกระบวนการ Transcription โดยใช้ DNA เป็นแม่แบบ จะมีลำดับเหมือน DNA แต่เปลี่ยน Nucleotide จาก T เป็น U (ย่อมาจาก Uracil) ดังนั้น ถ้าเห็นตัว U อยู่ในรหัสพันธุกรรม ก็แสดงว่าเป็นรหัสบน RNA (มี 4 ตัวคือ A G C และ U)

3. โปรตีน ได้จากกระบวนการ Translation โดยใช้ RNA เป็นแม่แบบ (mRNA) โดยใช้รหัสบน mRNA 3 ตัว แปลเป็นกรดอะมิโน 1 ตัว
ดังนั้น ถ้ามี DNA ที่ประกอบด้วยนิวคลีโอไทด์ 36 ตัว จะแปลเป็นกรดอะมิโน 12 ตัว (หารด้วย 3)

รหัสบน mRNA 3 ตัวที่แปลเป็นกรดอะมิโน 1 ตัวนั้น เรียกว่า Codon (โคดอน)

ดูในตารางหน้าถัดไปครับ

ในตาราง สังกะย AUG ซึ่งเป็นรหัสของกรดอะมิโนเมทไธโอนีน (Methionine) ทำเป็นสี
 แดงไว้ เพราะ AUG ยังเป็นรหัสแสดงว่า การสังเคราะห์โปรตีน เริ่มต้นที่รหัสนี้ด้วย จึง
 เรียกว่า Start codon ส่วนรหัสที่บอกว่าให้หยุดสังเคราะห์โปรตีน มี 3 รหัส คือ UAA
 UAG และ UGA เรียกว่า Stop codon

		Second letter				
		U	C	A	G	
First letter	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA Stop UAG Stop	UGU } Cys UGC } UGA Stop UGG Trp	U C A G
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G

เพื่อให้นิสิตเข้าใจหลักการทำงานในการสังเคราะห์โปรตีน โดยใช้ mRNA เป็นแม่แบบ หรือเรียกว่ากระบวนการ Translation (การแปลรหัส)

นิสิตลองดูตัวอย่างนี้

จงหาว่าในตัวอักษรข้างล่างนี้ มีชื่อสัตว์ที่เป็นอักษร 3 ตัว กี่ชนิด ชนิดละกี่ตัว โดย CAT แมว เป็นสัตว์ตัวแรก และ DOG สุนัข เป็นสัตว์ตัวสุดท้าย ถ้าเจอ DOG ให้หยุดค้นหา

BOHJKRDHQWESDRTGFYCATOWLFOXCATRATFOXOWLOWLRATDOGCTRAT

จะเห็นว่า มีแมว 2 ตัว นกฮูก 3 ตัว สุนัขจิ้งจอก 2 ตัว หนู 2 ตัว สุนัข 1 ตัว รวม 10 ตัว ถ้านิสิตแบ่งตัวอักษร โดยเว้นวรรคทีละ 3 ตัว ก็จะดูง่ายขึ้น เช่น

BOH JKR DHQ WES DRT GFY **CAT** OWL FOX

แต่ถ้าแบ่งผิดเฟรม เป็นแบบนี้

..OHJ KRD HQW ESD RTG FYC ATO WLF OXC A...

ก็จะอ่านไม่ออกเป็นชื่อสัตว์ที่มีอักษร 3 ตัวเลย

BOHJKRDHQWESDRTGFY**CAT**OWLFOX**CAT**RATFOXOWLOWLRAT**DOGCT**RAT

ดังนั้น จะอ่านให้ถูกเฟรม ต้องหา CAT แมว ให้เจอ

พอเจอ CAT แล้ว ก็อ่านไปที่ละ 3 ตัว จนเจอ DOG ก็หยุด

แม้ขวาสุดจะมี RAT หนู อยู่ แต่อยู่คนละเฟรมกัน และเจอ DOG เสียก่อน
เลยไม่นับ RAT ตัวขวาสุด

จะเห็นว่า ถ้าเราเอา DNA ของหิ้งห้อยมาตัดเป็นชิ้น ๆ แล้วหาชิ้นที่มียีน Luciferase ทำให้เรืองแสงได้เจอแล้ว เราจะรู้วาร์หัสช่วงไหนเริ่มถอดรหัสเป็นโปรตีน และจบที่ตรงไหน เราต้องหาช่วงที่เริ่มต้นด้วย AUG ซึ่งเป็น Start codon ให้เจอ และจะต้องอ่านที่ละ 3 ตัวได้ตลอดรอดฝั่งยาว ๆ ไม่เจอ Stop codon เสียก่อน (UAA UAG หรือ UGA)


การอ่านด้วยตาแบบ manual หา AUG และหา UAA UAG UGA ใช้เวลามาก จึงมีโปรแกรมคอมพิวเตอร์มาช่วยหา และแปลงเป็นโปรตีนให้ เรียกว่า **ORF Finder**

ORF Finder แปลว่า “ตัวหาโออาร์เอฟ”

ORF ย่อมาจาก Open Reading Frame แปลว่า เฟรมหรือกรอบที่อ่านได้ยาว ไม่เจอตัวหยุด

สามารถเข้าใช้งานได้ที่ NCBI เช่นเคยครับ แต่ค้นจาก Google ว่า ORF Finder ง่ายกว่า

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>



NCBI Resources | How To | Sign in to NCBI

ORFfinder PubMod Search

COVID-19 Information
Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV-2 data (NCBI) | Prevention and treatment information (HHS) | Español

Open Reading Frame Finder

ORF finder searches for open reading frames (ORFs) in the DNA sequence you enter. The program returns the range of each ORF, along with its protein translation. Use ORF finder to search newly sequenced DNA for potential protein encoding segments, verify predicted protein using newly developed SMART BLAST or regular BLASTP.

This web version of the ORF finder is limited to the subrange of the query sequence up to 50 kb long. Stand-alone version, which doesn't have query sequence length limitation, is available for [Linux x64](#).

Examples (click to set values, then click Submit button):

- NC_011604 Salmonella enterica plasmid pWES-1; genetic code: 11; 'ATG' and alternative initiation codons; minimal ORF length: 30C nt
- NM_000065; genetic code: 1; start codon: 'ATG only'; minimal ORF length: 150 nt

Enter Query Sequence

Enter accession number, gi, or nucleotide sequence in FASTA format:

From: To:

Choose Search Parameters

Minimal ORF length (nt): 75

การใช้งานง่ายมาก แค่เอา accession number หรือ GI ใส่เข้าไปในช่องนี้
หรือจะเอาลำดับนิวคลีโอไทด์ใส่เข้าไปโดยตรงก็ได้ แต่ต้องอยู่ใน FASTA format
(ฟาสต์เอ คือ บรรทัดแรกมีเครื่องหมาย > ตามด้วยคำบรรยายตามใจชอบ
บรรทัดถัดมาเริ่ม AGCTTTTGCCTT... ไปเรื่อย ๆ จนจบ)
นีสิตลองเอาข้อมูล Luciferase ที่หาได้ก่อนหน้านี้ มาลงใน ORF Finder นะครับ
พรุ่งนี้มาดูกันต่อ

Enter Query Sequence

Enter accession number, gi, or nucleotide sequence in FASTA format:

From: To: