

**ΔΟΜΙΚΗ ΒΙΟΧΗΜΕΙΑ**  
**ΑΝΑΦΟΡΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΩΝ**

**ΟΝΟΜΑΤΕΠΩΝΥΜΟ :** Βιόλα Νότη

**A.E.M. :** 8994

**Τίτλος :** BMP (Bone Morphogenetic Protein, Οστική Μορφογενετική Πρωτεΐνη)

**Πρωτεΐνη :** Bone morphogenetic protein 3

**Γονίδιο :** BMP3

**Οργανισμός :** *Homo sapiens (Human)*

**Λειτουργία :** Ρυθμίζει αρνητικά την οστική πυκνότητα. Ανταγωνίζεται την ικανότητα ορισμένων BMP οστεογόνων να επάγουν τη διαφοροποίηση και οστεοποίηση πρόδρομων οστεοκυττάρων (osteoprogenitor).

**Αλληλουχία σε Fasta format :**

```
MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPPELRKAVPGDRTAGGGPDSELQPQDKVSEHM
LRLYDRYSTVQAARTPGSLEGGSQPWRPRLREGNTVRSFRAAAETLERKGLYIFNLTS
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVS GGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKF SRNQSQLL
GHLSVDMAKSHRDIMSWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN
ELPGA EYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQRKGP HRKSQTLQFDEQTLKKAR
RKQWIEPRNCARRYLKVDFADIGWSEWII SPKSFDAYYCSGACQFMPKSLKPSNHATI Q
SIVRAVG VVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVES CACR
```

**Παρακάτω φαίνεται η νουκλεοτιδική αλληλουχία της πρωτεΐνης BMP3, όπως αναγράφεται στις ακόλουθες βάσεις δεδομένων :**

**Sequence databases**

**i. GenBank :**

```
TCAGCGTTGGAGTGAGACGGCGCCCGCAGCGCCCTGCGCGGGTGAGGTCCGCGCAGCTGCTGGGGAAGA
GCCACCTGTCAGGCTGCGCTGGGTGAGCGCAGCAAGTGGGGCTGGCCGCTATCTCGCTGCACCCGGCCG
```

CGTCCCGGGCTCCGTGCGCCCTCGCCCCAGCTGGTTTGGAGTTCAACCCTCGGCTCCGCCGCGGGCTCCT  
 TGCGGGAGTGTCCCGCAGCGACGCCGGGAGCCGACGCGCGCGGGTACCTAGCCATGGCTGGG  
 GCGAGCAGGCTGCTCTTTCTGTGGCTGGGCTGCTTCTGCGTGAGCCTGGCGCAGGGAGAGACCGAAGC  
 CACCTTTCCCGGAGCTCCGCAAAGCTGTGCCAGGTGACCGCACGGCAGGTGGTGGCCCGGACTCCGAGCT  
 GCAGCCGCAAGACAAGGTCTCTGAACACATGCTGCGGCTCTATGACAGGTACAGCACGGTCCAGGCGGCC  
 CGGACACCGGGCTCCCTGGAGGGAGGCTCGCAGCCCTGGCGCCCTCGGCTCCTGCGCGAAGGCAACACGG  
 TTCGCAGCTTTTCGGGCGGCAGCAGCAGAACTCTTGAAAGAAAAGGACTGTATATCTTCAATCTGACATC  
 GCTAACCAAGTCTGAAAACATTTTGTCTGCCACACTGTATTTCTGTATTGGAGAGCTAGGAAACATCAGC  
 CTGAGTTGTCCAGTGTCTGGAGGATGCTCCCATCATGCTCAGAGGAAACACATTAGATTGATCTTTCTG  
 CATGGACCTCAAATTCAGCAGAAACCAAAGTCAACTCCTTGCCCATCTGTGAGTGGATATGGCCAAATC  
 TCATCGAGATATTATGTCCTGGCTGTCTAAAGATATCACTCAATTCTTGAGGAAGGCCAAAAGAAATGAA  
 GAGTTCCTCATAGGATTTAACATTACGTCCAAGGGACGCCAGCTGCCAAAGAGGAGGTTACCTTTTCCAG  
 AGCCTTATATCTTGGTATATGCCAATGATGCCGCCATTTCTGAGCCAGAAAGTGTGGTATCAAGCTTACA  
 GGGACACCGGAATTTCCCACTGGAAGTGTCCCAAATGGGATAGCCACATCAGAGCTGCCCTTTCCATT  
 GAGCGGAGGAAGAAGCGCTCTACTGGGGTCTTGCTGCCTCTGCAGAACAACGAGCTTCCTGGGGCAGAAT  
 ACCAGTATAAAAAGGATGAGGTGTGGGAGGAGAGAAAGCCTTACAAGACCTTCAGGCTCAGGCCCTGA  
 AAAGAGTAAGAATAAAAAAGAAACAGAGAAAGGGGCTCATCGGAAGAGCCAGACGCTCCAATTTGATGAG  
 CAGACCTGAAAAAGCAAGGAGAAAGCAGTGGATTGAACCTCGGAATTGCGCCAGGAGATACCTCAAGG  
 TAGACTTTGCAGATATTGGCTGGAGTGAATGGATTATCTCCCCAAGTCCTTTGATGCCTATTATTGCTC  
 TGGAGCATGCCAGTTCCCATGCCAAAGTCTTTGAAGCCATCAAATCATGCTACCATCCAGAGTATAGTG  
 AGAGCTGTGGGGTCGTTCTGGGATTCTGAGCCTTGCTGTGTACCAGAAAAGATGTCTCACTCAGTA  
 TTTTATTCTTTGATGAAAATAAGAATGTAGTGCTTAAAGTATACCCTAACATGACAGTAGAGTCTTGCGC  
 TTGCAGATAACCTGGCAAAGAACTCATTTGAATGC

## ii. DDBJ :

TCAGCGTTGGAGTGGAGACGGCGCCCGCAGCGCCCTGCGCGGGTGAGGTCCGCGCAGCTG  
 CTGGGGAAGAGCCACCTGTCAGGCTGCGTGGGTGAGCGCAGCAAGTGGGGCTGGCCGC  
 TATCTCGTGACCCGCGCGCTCCCGGGCTCCGTGCGCCCTCGCCCCAGCTGGTTTGA  
 GTTCAACCCTCGGCTCCGCCGCGGCTCCTTGCCTTCGGAGTGTCCCGCAGCGACGCC  
 GGGAGCCGACGCGCGCGCGGGTACCTAGCCATGGCTGGGGCGAGCAGGCTGCTCTTTCT  
 GTGGCTGGGCTGCTTCTGCGTGAGCCTGGCGCAGGGAGAGAGACCGAAGCCACCTTTCC  
 GGAGCTCCGCAAAGCTGTGCCAGGTGACCGCACGGCAGGTGGTGGCCCGGACTCCGAGCT  
 GCAGCCGCAAGACAAGGTCTCTGAACACATGCTGCGGCTCTATGACAGGTACAGCACGGT  
 CCAGGCGGCGCGACACCGGGCTCCCTGGAGGGAGGCTCGCAGCCCTGGCGCCCTCGGCT  
 CCTGCGCGAAGGCAACACGGTTTCGACGCTTTCGGGCGGCAGCAGCAGAACTCTTGAAG  
 AAAAGGACTGTATATCTTCAATCTGACATCGCTAACCAAGTCTGAAAACATTTGTCTGC  
 CAACTGTATTCTGTATTGGAGAGCTAGGAAACATCAGCCTGAGTTGTCCAGTGTCTGG  
 AGGATGCTCCCATCATGCTCAGAGGAAACACATTCAGATTGATCTTTCTGCATGGACCT  
 CAAATTCAGCAGAAACCAAAGTCAACTCCTTGCCCATCTGTGAGTGGATATGGCCAAATC  
 TCATCGAGATATTATGTCCTGGCTGTCTAAAGATATCACTCAATTCTTGAGGAAGGCCAA  
 AGAAAATGAAGAGTTTCTCATAGGATTTAACATTACGTCCAAGGGACGCCAGCTGCCAAA  
 GAGGAGGTTACCTTTCCAGAGCCTTATATCTTGGTATAT

## iii. CCDS (μεταφράσιμες περιοχές) :

### Nucleotide Sequence (1419 nt):

ATGGCTGGGGCGAGCAGGCTGCTCTTTCTGTGGCTGGGCTGCTTCTGCGTGAGCCTGGCGCAGGGAGAGA  
 GACCGAAGCCACCTTTCCCGGAGCTCCGCAAAGCTGTGCCAGGTGACCGCACGGCAGGTGGTGGCCCGGA  
 CTCCGAGCTGCAGCCGCAAGACAAGGTCTCTGAACACATGCTGCGGCTCTATGACAGGTACAGCACGGTC  
 CAGGCGGCGCGGACACCGGGCTCCCTGGAGGGAGGCTCGCAGCCCTGGCGCCCTCGGCTCCTGCGCGAAG  
 GCAACACGGTTTCGACGCTTTCGGGCGGCAGCAGCAGAACTCTTGAAGAAAAGGACTGTATATCTTCAA  
 TCTGACATCGCTAACCAAGTCTGAAAACATTTTGTCTGCCACACTGTATTTCTGTATTGGAGAGCTAGGA  
 AACATCAGCCTGAGTTGTCCAGTGTCTGGAGGATGCTCCCATCATGCTCAGAGGAAACACATTCAGATTG  
 ATCTTTCTGCATGGACCTCAAATTCAGCAGAAACCAAAGTCAACTCCTTGCCCATCTGTGAGTGGATAT

GGCCAAATCTCATCGAGATATTATGTCCTGGCTGTCTAAAGATATCACTCAACTCTTGAGGAAGGCCAAA  
 GAAAATGAAGAGTTTCCTCATAGGATTTAACATTACGTCCAAGGGACGCCAGCTGCCAAAGAGGAGTTAC  
 CTTTTCCAGAGCCTTATATCTTGGTATATGCCAATGATGCCGCCATTTCTGAGCCAGAAAGTGTGGTATC  
 AAGCTTACAGGGACACCGGAATTTTCCCACTGGAAGTGTCCCAAATGGGATAGCCACATCAGAGCTGCC  
 CTTTCCATTGAGCGGAGGAAGAAGCGCTCTACTGGGGTCTTGCTGCCTCTGCAGAACAACGAGCTTCCTG  
 GGGCAGAATACCAGTATAAAAAGGATGAGGTGTGGGAGGAGAGAAAGCCTTACAAGACCTTCAGGCTCA  
 GGCCCCTGAAAAGAGTAAGAATAAAAAGAAACAGAGAAAGGGGCCTCATCGGAAGAGCCAGACGCTCCAA  
 TTTGATGAGCAGACCCCTGAAAAAGGCAAGGAGAAAGCAGTGGATTGAACCTCGGAATTGCGCCAGGAGAT  
 ACCTCAAGGTAGACTTTGCAGATATTGGCTGGAGTGAATGGATTATCTCCCCAAGTCCTTTGATGCCTA  
 TTATTGCTCTGGAGCATGCCAGTTCCCCATGCCAAAGTCTTTGAAGCCATCAAATCATGTACCATCCAG  
 AGTATAGTGAGAGCTGTGGGGTTCGTTCTGGGATTCTGAGCCTTGCTGTGTACCAGAAAAGATGTCCT  
 CACTCAGTATTTTATTCTTTGATGAAAATAAGAATGTAGTGCTTAAAGTATACCCTAACATGACAGTAGA  
 GTCTTGCCTTGAGATAA

#### Translation (472 aa):

MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPELRKAVPGDRTAGGGPDSELQPQDKVSEHMLRLYDRYSTV  
 QAARTPGSLEGGSQPWRPRLREGNTVRSFRAAAA**ETLERKGLYIFNL**SLTKSENILSATLYFCIGELG  
 NISLSCPVS GGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQLLGHLSDMAKSHR DIMSWLSKDITQLLRKAK  
 ENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYILVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAA  
 LSIERRKKRSTGVLLPLQNNELPGA EYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQRKGP HRKSQTLQ  
 FDEQTLKKARRKQWIEPRNCARRY LKVDFADIGWSEWII SPKSFDAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATIQ  
 SIVRAVG VVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVES CACR

### Ακολουθεί μετάφραση της DNA ακολουθίας που πήραμε από το Sequence databases – CCDS, μέσω του “Translate Tool” του ExPASy :

- Μετάφραση όλης της ακολουθίας :

#### 5'3' Frame 1

MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPELRKAVPGDRTAGGG  
 PDSELQPQDKVSEHMLRLYDRYSTVQAARTPGSLEGGSQPWRPRL  
 LREGNTVRSFRAAAAETLERKGLYIFNLSTLTKSENILSATLYFCIGE  
 LGNISLSCPVS GGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQLLGHLSD  
 VMAKSHR DIMSWLSKDITQLLRKAK ENEEFLIGFNITSKGRQLPK  
 RRLPFPEPYILVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSH  
 IRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNNELPGA EYQYKKDEVWEERKPYK  
 TLQAQAPEKSKNKKKQRKGP HRKSQTLQFDEQTLKKARRKQWIEP  
 RNCARRY LKVDFADIGWSEWII SPKSFDAYYCSGACQFPMPKSLKP  
 SNHATIQSIVRAVG VVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKV  
 YPN TVES CACR Stop

- Μετάφραση μόνο της ακολουθίας που είναι χρωματισμένη με μπλε χρώμα:

### **5'3' Frame 3**

TLERKGLYIFNLTSLTKESENILSATLYFCIGELGNISLSCPVS GGCS  
 HHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQS QLLGHLSVDM AKSHRDIMS  
 WLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPPEPYILV  
 YANDAAISEPESVVSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALS IERR  
 KKRSTGVLLPLQNNELPGA EYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAP  
 EKSKNKKKQRKGP HRKSQTLQFDEQTLKKARRKQWIEPRNCAR  
 RYLKVDFADIGWSEWIISPKSFDAYYCSGACQFPMPK

- Μετάφραση 5 βάσεις πριν την μπλε ακολουθία και έπειτα :

### **5'3' Frame 2**

AETLERKGLYIFNLTSLTKESENILSATLYFCIGELGNISLSCPVS GG  
 CSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQS QLLGHLSVDM AKSHRDI  
 MSWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPPEPY  
 ILVYANDAAISEPESVVSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALS IE  
 RRKKRSTGVLLPLQNNELPGA EYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQ  
 APEKSKNKKKQRKGP HRKSQTLQFDEQTLKKARRKQWIEPRNC  
 ARRYLKVDFADIGWSEWIISPKSFDAYYCSGACQFPMPKSLKPS  
 NHATIQSIVRAVG VVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLK  
 VYPNMTVES CACR Stop

## Σύγκριση αλληλουχιών πρωτεϊνών ή νουκλεϊκών οξέων, μέσω του “Multalin” του ExPASy :

Στο «Multalin» του ExPASy , συγκρίνουμε τις αλληλουχίες της BMP3 πρωτεΐνης σε Fasta format (s1), την αλληλουχία από το Translation του CCDS (s2), καθώς και το **5'3' Frame 2** από την μετάφραση που έγινε στην αλληλουχία του CCDS 5 βάσεις πριν την μπλε ακολουθία και έπειτα (s3).

```

                                     10         20         30         40         50
60
|
s1xxxx0
MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPPELRKAVPGDRTAGGGPDSELQPQDKVSEHM
s2xxxx1
MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPPELRKAVPGDRTAGGGPDSELQPQDKVSEHM
s3xxxx2  -----
----
Consensus
magasrllflwlgcfcvslaqgerpkppfpelrkavpgdrtagggpdselqpqdkvsehm
Prim.cons.
MAGASRLFLWLGCFCVSLAQGERPKPPFPPELRKAVPGDRTAGGGPDSELQPQDKVSEHM

                                     70         80         90        100        110
120
|
s1xxxx0
LRLYDRYSTVQAARTPGSLEGGSQPWRPRLREGNTVRSFRAAAAEETLERKGLYIFNLTS
s2xxxx1
LRLYDRYSTVQAARTPGSLEGGSQPWRPRLREGNTVRSFRAAAAEETLERKGLYIFNLTS
s3xxxx2  -----
AETLERKGLYIFNLTS
Consensus
lrlydrystvqaartpgsleggsqpwrprllregntvrsfraaaaEETLERKGLYIFNLTS
Prim.cons.
LRLYDRYSTVQAARTPGSLEGGSQPWRPRLREGNTVRSFRAAAAEETLERKGLYIFNLTS

                                     130        140        150        160        170
180
|
s1xxxx0
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVSGGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQQL
s2xxxx1
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVSGGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQQL
s3xxxx2
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVSGGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQQL
Consensus
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVSGGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQQL
Prim.cons.
LTKSENILSATLYFCIGELGNISLSCPVSGGCSHHAQRKHIQIDLSAWTLKFSRNQSQQL
```

	190	200	210	220	230
240					
s1xxxx0					
GHLSDVMAKSHRDISWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI					
s2xxxx1					
GHLSDVMAKSHRDISWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI					
s3xxxx2					
GHLSDVMAKSHRDISWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI					
Consensus					
GHLSDVMAKSHRDISWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI					
Prim.cons.					
GHLSDVMAKSHRDISWLSKDITQLLRKAKENEEFLIGFNITSKGRQLPKRRLPFPEPYI					
	250	260	270	280	290
300					
s1xxxx0					
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN					
s2xxxx1					
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN					
s3xxxx2					
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN					
Consensus					
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN					
Prim.cons.					
LVYANDAAISEPESVSSSLQGHRNFPTGTVPKWDSHIRAALSIERRKKRSTGVLLPLQNN					
	310	320	330	340	350
360					
s1xxxx0					
ELPGAELYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQKRGPHRKSQTLQFDEQTLKKAR					
s2xxxx1					
ELPGAELYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQKRGPHRKSQTLQFDEQTLKKAR					
s3xxxx2					
ELPGAELYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQKRGPHRKSQTLQFDEQTLKKAR					
Consensus					
ELPGAELYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQKRGPHRKSQTLQFDEQTLKKAR					
Prim.cons.					
ELPGAELYQYKKDEVWEERKPYKTLQAQAPEKSKNKKKQKRGPHRKSQTLQFDEQTLKKAR					
	370	380	390	400	410
420					
s1xxxx0					
RKQWIEPRNCARYLKVDFA DIGWSEWII SPKSF DAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATI Q					
s2xxxx1					
RKQWIEPRNCARYLKVDFA DIGWSEWII SPKSF DAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATI Q					
s3xxxx2					
RKQWIEPRNCARYLKVDFA DIGWSEWII SPKSF DAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATI Q					
Consensus					
RKQWIEPRNCARYLKVDFA DIGWSEWII SPKSF DAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATI Q					
Prim.cons.					
RKQWIEPRNCARYLKVDFA DIGWSEWII SPKSF DAYYCSGACQFPMPKSLKPSNHATI Q					

430	440	450	460	470		
s1xxxx0	SIVRAVGVPVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVESCACR					
s2xxxx1	SIVRAVGVPVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVESCACR					
s3xxxx2	SIVRAVGVPVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVESCACR					
Consensus	SIVRAVGVPVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVESCACR					
Prim.cons.	SIVRAVGVPVPGIPEPCCVPEKMSSLSILFFDENKNVVLKVYPNMTVESCACR					

Το Multalin είναι ένα πρόγραμμα προοδευτικής ευθυγράμμισης πολλών ακολουθιών το οποίο μας επιτρέπει να συγκρίνουμε τις αλληλουχίες δύο ή και περισσότερων αλληλουχιών πρωτεϊνών ή νουκλεϊκών οξέων. Στη δική μας περίπτωση, φαίνεται ότι οι αλληλουχίες s1 και s2, αποτελούνται από 472 κατάλοιπα, ενώ η αλληλουχία s3 από 368. Με πράσινο χρώμα απεικονίζονται τα κατάλοιπα των s1 και s2, τα οποία δεν περιλαμβάνει η s3. Επιπλέον, με κόκκινο βλέπουμε τα κατάλοιπα των s1, s2 και s3, τα οποία ταυτίζονται.

### Κοπή της αλληλουχίας που πήραμε από το CCDS, από ενδονουκλεάσες περιορισμού :

Τοποθετώ την αλληλουχία από το CCDS στο Sequence Extractor της ιστοσελίδας <https://molbiol-tools.ca/PCR.htm>

Τα ένζυμα περιορισμού τα βρίσκουμε από τη λίστα του NEBcutter V2.0

#	Cut position (blunt - 5' ext. - 3' ext.)	5'... Site with flanks ...3'
1	*865	853 CGGAGGAAGA AGC GCT CTACTGGGGT

Περιοχές που κόβει το ένζυμο **AfeI**

#	Cut position (blunt - 5' ext. - 3' ext.)	5'... Site with flanks ...3'
1	415/417	405 TATTGGAGAG C TA G GAAACATCAG

Περιοχές που κόβει το ένζυμο **BfaI**

#	Cut position (blunt - 5' ext. - 3' ext.)	5'... Site with flanks ...3'
1	491	480 CATTGAGATT GA TC TTTCTGCATG

Περιοχές που κόβει το ένζυμο **DpnI**





HpaII

MspI   HpaII

RsaI                      HaeIII   MspI

K V S E H M L R L Y D R Y S T V Q A A R T P G S L E

ACAAGGTCTCTGAACA**CATG**CTGCGGCTCTATGACAGGTACAGCACGGTCCAGGCGGCCCGGACACCGGGCTCCCTGGAG

^170            ^180            ^190            ^200            ^210            ^220            ^230

TGTTCCAGAGACTTGTGTACGACGCCGAGATACTGTCCATGTCGTGCCAGGTCCGCCGGGCTGTGGCCCGAGGGACCTC

-----

CfoI                      BstUI

HhaI                      CfoI

NarI                      HhaI                      AluI

G G S Q P W R P R L L R E G N T V R S F R A A A A E T

GGAGGCTCGCAGCCCTGGCGCCCTCGGCTCCTGCGCGAAGGCCAACACGGTTCGCAGCTTTCGGGCGGCAGCAGCAGAAAC

^250            ^260            ^270            ^280            ^290            ^300            ^310

CCTCCGAGCGTCGGGACCGCGGGAGCCGAGGACGCGCTTCCGTTGTGCCAAGCGTCGAAAGCCCGCCGTCGTCGCTTTTG

-----

MboII

L E R K G L Y I F N L T S L T K S E N I L S A T L Y F

TCTTGAAAGAAAAGGACTGTATATCTTCAATCTGACATCGCTAACCAAGTCTGAAAACATTTTGTCTGCCACACTGTATT

^330            ^340            ^350            ^360            ^370            ^380            ^390

AGAACTTTCTTTTCTGACATATAGAAGTTAGACTGTAGCGATTGGTTCAGACTTTTGTAAAACAGACGGTGTGACATAA

-----

AluI                      DdeI                      DdeI

C I G E L G N I S L S C P V S G G C S H H A Q R K H

TCTGTATTGGAGAGCTAGGAAACATCAGCCTGAGTTGTCCAGTGTCTGGAGGATGCTCCCATCATGCTCAGAGGAAACAC

^410            ^420            ^430            ^440            ^450            ^460            ^470

AGACATAACCTCTCGATCCTTTGTAGTCGGACTCAACAGGTCACAGACCTCCTACGAGGTTAGTACGAGTCTCCTTTGTG

-----

MboI

NdeII                      HincII                      HaeIII

I Q I D L S A W T L K F S R N Q S Q L L G H L S V D M

ATTGAGATTGATCTTTTCTGCATGGACCCTCAAATTCAGCAGAAACCAAAGTCAACTCCTTGGCCATCTGTGAGTGGATA**T**

^490            ^500            ^510            ^520            ^530            ^540            ^550

TAAGTCTAACTAGAAAGACGTACCTGGGAGTTTAAAGTCGTCTTTGGTTTCAGTTGAGGAACCGGTAGACAGTACCTATA

-----f-----

HaeIII                      TaqI                      EcoRV                      HaeIII

A K S H R D I M S W L S K D I T Q F L R K A K E N E E

**GGCCA**AATCTCATCGAGATATTATGTCTGGCTGTCTAAAGATATCACTCAATTCTTGAGGAAGGCCAAAGAAAATGAAG

^570            ^580            ^590            ^600            ^610            ^620            ^630

```

CCGGTTTAGAGTAGCTCTATAATACAGGACCGACAGATTTCTATAGTGAGTTAAGAACTCCTTCCGGTTTCTTTTACTTC
-----
                MseI                AluI
                MboII                PvuII
    F  L  I  G  F  N  I  T  S  K  G  R  Q  L  P  K  R  R  L  P  F  P  E  P  Y  I
AGTTCCTCATAGGATTTAACATTACGTCCAAGGACGCCAGCTGCCAAAGAGGAGGTTACCTTTTCCAGAGCCTTATATC
    ^650      ^660      ^670      ^680      ^690      ^700      ^710
TCAAGGAGTATCCTAAATTGTAATGCAGGTTCCCTGCGGTCGACGGTTTCTCCTCCAATGGAAAAGGTCTCGGAATATAG
-----
                                AluI      HpaII
                                DdeI      HindIII      MspI
    L  V  Y  A  N  D  A  A  I  S  E  P  E  S  V  V  S  S  L  Q  G  H  R  N  F  P  T
TTGGTATATGCCAATGATGCCGCCATTTCTGAGCCAGAAAGTGTGGTATCAAGCTTACAGGGACACCGGAATTTTCCCAC
    ^730      ^740      ^750      ^760      ^770      ^780      ^790
AACCATATACGGTTACTACGGCGGTAAAGACTCGGTCTTTTACACCATAGTTCGAATGTCCCTGTGGCCTTAAAAGGGTG
-----
                                                MboII
                                                CfoI
                                AluI                HhaI
    G  T  V  P  K  W  D  S  H  I  R  A  A  L  S  I  E  R  R  K  K  R  S  T  G  V  L
TGGAAGTGTCCCAAATGGGATAGCCACATCAGAGCTGCCCTTTCCATTGAGCGGAGGAAGAAGCGCTCTACTGGGGTCT
    ^810      ^820      ^830      ^840      ^850      ^860      ^870
ACCTTGACAAGGGTTTACCCTATCGGTGTAGTCTCGACGGGAAAGGTAAGTTCGCCTCCTTCTTCGCGAGATGACCCGAGA
-----
                PstI      AluI
    L  P  L  Q  N  N  E  L  P  G  A  E  Y  Q  Y  K  K  D  E  V  W  E  E  R  K  P
TGCTGCCTCTGCAGAACAACGAGCTTCCTGGGGCAGAATACCAGTATAAAAAGGATGAGGTGTGGGAGGAGAGAAAGCCT
    ^890      ^900      ^910      ^920      ^930      ^940      ^950
ACGACGGAGACGTCTTGTGTGCTCGAAGGACCCCGTCTTATGGTCATATTTTCTACTCCACACCCTCCTCTCTTCGGA
-----
                                RestEnd
                                PCREnd
                                HaeIII
                                DdeI
    Y  K  T  L  Q  A  Q  A  P  E  K  S  K
TACAAGACCCCTTCAGGCTCAGGCCCTGAAAAGAGTAAGA
    ^970      ^980      ^990      ^
ATGTTCTGGGAAGTCCGAGTCCGGGGACTTTTCTCATTCT
-----

```

**Τρισδιάστατη δομή της πρωτεΐνης BMP3, μέσω των προγραμμάτων οπτικοποίησης πρωτεϊνών, Rasmol και RCSB PDB Protein Workshop :**

**Rasmol**

Στο πρόγραμμα Rasmol ανοίγω το αρχείο pdb από τη βάση δεδομένων PDB (Protein Data Bank) και κάνω τις εξής επιλογές :

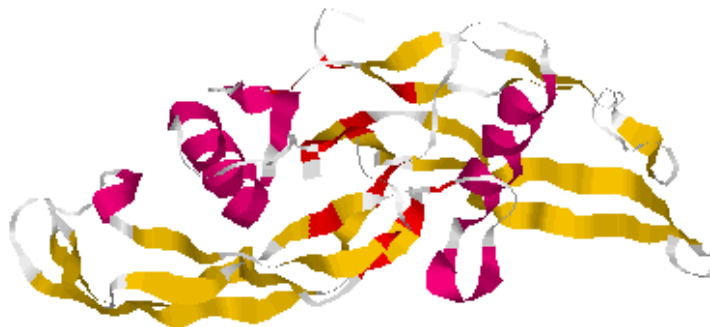
- set background white
- display→ribbons
- colours→structure



Δομή BMP3 μέσω του προγράμματος Rasmol

Έπειτα χρωματίζω τις κυστεΐνες με κόκκινο χρώμα, με τις ακόλουθες εντολές :

- select cys  
enter
- color red  
enter



Τέλος, χρωματίζω με πράσινο χρώμα τα β-φύλλα:

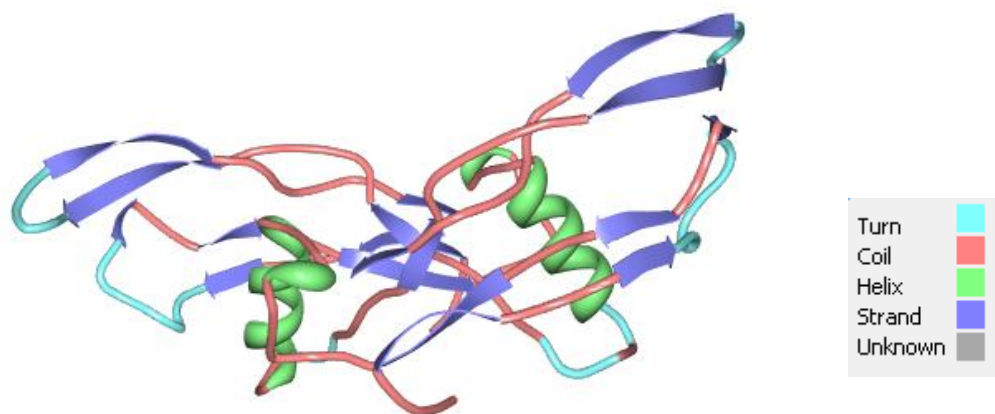
- select sheets
- enter
- color green



### **RCSB PDB Protein Workshop**

Στη σελίδα της RCSB PDB Protein Data Bank, βρήκαμε την ανάλυση της δομής της πρωτεΐνης BMP3, στο παρακάτω άρθρο :

Τίτλος	BMP-3 and BMP-6 Structures Illuminate the Nature of Binding Specificity with Receptors.
Συγγραφείς	Allendorph, G.P., Isaacs, M.J., Kawakami, Y., Belmonte, J.C., Choe, S.
Περιοδικό	(2007) Biochemistry 46: 12238-12247
Μέθοδος εύρεσης δομής	X-RAY DIFFRACTION



Πρωτεΐνη BMP3 με μορφή ribbon και χρωματισμένη ανάλογα με τη δευτεροταγή δομή (Conformation type).

Στον παρακάτω πίνακα φαίνονται μερικές πληροφορίες για την BMP3, οι οποίες βασίζονται στις μελέτες των συγγραφέων του παραπάνω άρθρου :

Πλήθος αλυσίδων	2
Πλήθος μοναδικών αλυσίδων	1
Κατάλοιπα ανά αλυσίδα	110
Πλήθος α-ελίκων ανά αλυσίδα	2
Πλήθος β-πτυχωτών επιφανειών ανά αλυσίδα	9