

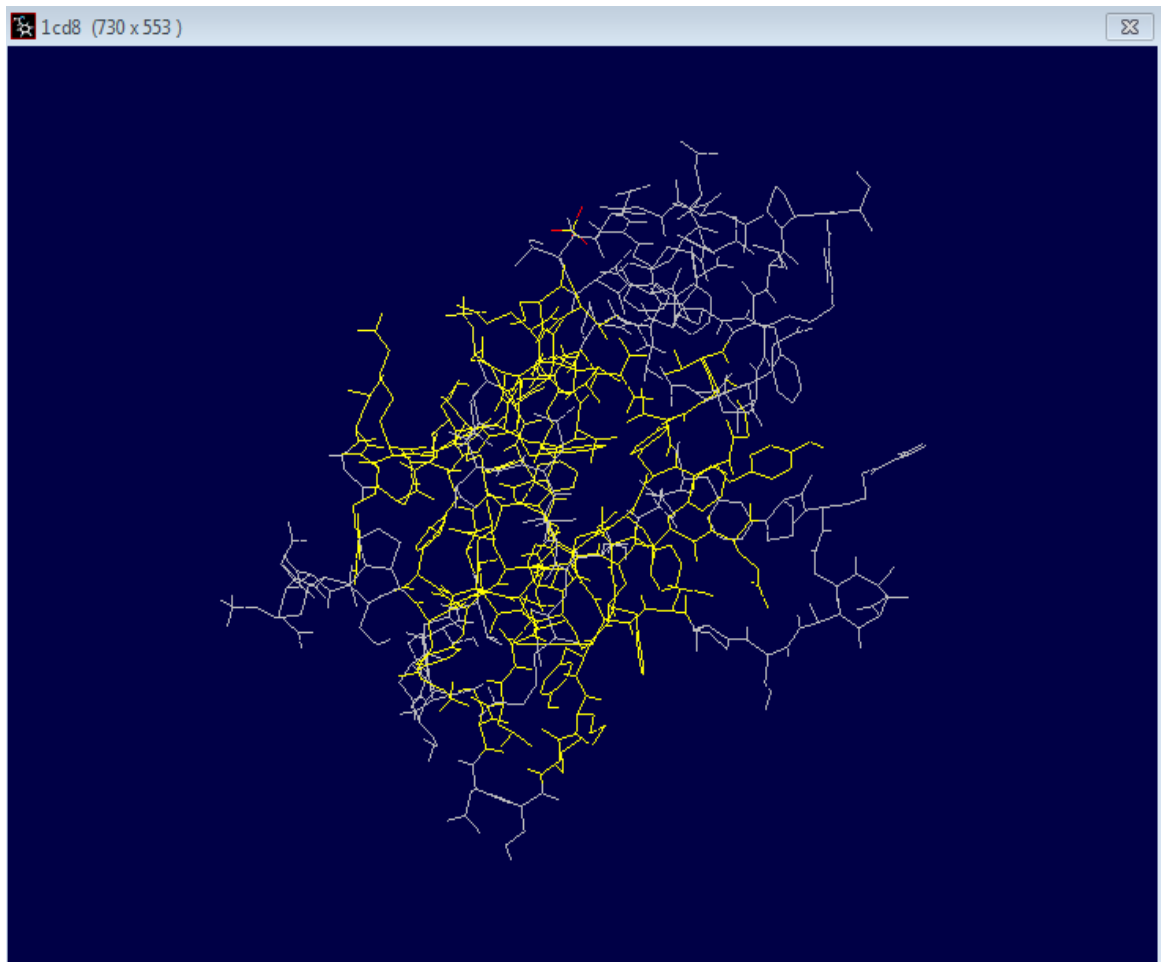
ΕΡΓΑΣΙΑ ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ

ΓΕΩΡΓΟΠΟΥΛΟΥ ΧΡΙΣΤΙΝΑ (ΑΕΜ:8293)

ΒΟΓΙΑΤΖΗ ΝΙΚΟΛΕΤΑ (ΑΕΜ:8630)

ΜΗΛΙΑΓΚΟΥ ΑΛΕΞΑΝΔΡΑ-ΕΛΙΣΑΒΕΤ (ΑΕΜ:8340)

Κωδικός πρωτεΐνης: 1CB8 (P01732)



Τα sequence από το UnitProt είναι :

Fasta1

>sp|P01732|CD8A_HUMAN T-cell surface glycoprotein CD8 alpha chain OS=Homo sapiens GN=CD8A PE=1 SV=1
MALPVTALLLPLALLLHAARPSQFRVSPLDRTWNLGETVELKQCQVLLSNPTSGCSWLFQP
RGAAASPTFLLYLSQNKPKAAEGLDQRFSGKRLGDTFVLTLSDFRRENEGYFCSALSNS
SIMYFSHFVFPVFLPAKPTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDFA
CDIYIWAPLAGTCGVLLLSLVITLYCNHRNRRRVCKCPRPVVKSGDKPSSLARYV

Fasta2

>sp|P01732-2|CD8A_HUMAN Isoform 2 of T-cell surface glycoprotein CD8 alpha chain OS=Homo sapiens GN=CD8A
MALPVTALLLPLALLLHAARPSQFRVSPLDRTWNLGETVELKQCQVLLSNPTSGCSWLFQP
RGAAASPTFLLYLSQNKPKAAEGLDQRFSGKRLGDTFVLTLSDFRRENEGYFCSALSNS
SIMYFSHFVFPVFLPAKPTTTPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAGNRRRVCKC
PRPVVKSGDKPSSLARYV

Fasta3

>sp|P01732-3|CD8A_HUMAN Isoform 3 of T-cell surface glycoprotein CD8 alpha chain OS=Homo sapiens GN=CD8A
MRNQAPGRPKGATFPPRRPTGSRAPPLAPELRKQRPGERVMALPVTALLLPLALLLHAA
RPSQFRVSPLDRTWNLGETVELKQCQVLLSNPTSGCSWLFQPRGAAASPTFLLYLSQNKPK
AAEGLDQRFSGKRLGDTFVLTLSDFRRENEGYFCSALSNSIMYFSHFVFPVFLPAKPTT
TPAPRPPTPAPTIASQPLSLRPEACRPAAGGAVHTRGLDFACDIYIWAPLAGTCGVLLLS
LVITLYCNHRNRRRVCKCPRPVVKSGDKPSSLARYV

Τα αποτελέσματα της αναζήτησης από το ProtParam:

10	20	30	40	50	60
MALPVTALLL	PLALLLHAAR	PSQFRVSPLD	RTWNLGETVE	LKCQVLLSNP	TSGCSWLFQP
70	80	90	100	110	120
RGAAASPTFL	LYLSQNKPKA	AEGLDQRF	GKRLGDTFVL	TLSDFRRENE	GYFCSALSNS
130	140	150	160	170	180
SIMYFSHFVP	VFLPAKPTTT	PAPRPPTPAP	TIASQPLSLR	PEACRPAAGG	AVHTRGLDFA
190	200	210	220	230	240
CDIYIWAPLA	GTCGVLLLSL	VITLYCNHRN	RRRVCKCPRP	VVKSGDKPSL	SARYVMALPV
250	260	270	280	290	300
TALLLPLALL	LHAARPSQFR	VSPLDRTWNL	GETVELKQV	LLSNPTSGCS	WLFQPRGAAA
310	320	330	340	350	360
SPTFLLYLSQ	NKPKAAEGLD	TQRFSGKRLG	DTFVLTLSDF	RRENEGYFC	SALSNSIMYF
370	380	390	400	410	420
SHFVFPVFLPA	KPTTTPAPRP	PTPAPTIASQ	PLSLRPEACR	PAAGGAGNRR	RVCKCPRPVV
430	440	450	460	470	480
KSGDKPSSLA	RYVMRNQAPG	RPKGATFPPR	RPTGSRAPPL	APELRKQRP	GERVMALPVT
490	500	510	520	530	540

ALLLPLALLL HAARPSQFRV SPLDRTWNLG ETVELKCQVL LSNPTSGCSW LFQPRGAAAS
 550 560 570 580 590 600
 PTFLLYLSQN KPAAEGLDT QRFSGKRLGD TFVLTLSDFR RENEGYFCS ALSNSIMYFS
 610 620 630 640 650 660
 HFVFPVFLPAK PTTTPAPRPP TPAPTIASQP LSLRPEACRP AAGGAVHTRG LDFACDIYIW
 670 680 690 700
 APLAGTCGVL LLSLVITLYC NHRNRRRVCK CPRPVVKS GD KPSLSARYV

References and documentation are available.

Number of amino acids: 709

Molecular weight: 77492.2

Theoretical pI: 10.03

Amino acid composition:

Ala (A)	71	10.0%
Arg (R)	60	8.5%
Asn (N)	21	3.0%
Asp (D)	19	2.7%
Cys (C)	24	3.4%
Gln (Q)	20	2.8%
Glu (E)	20	2.8%
Gly (G)	41	5.8%
His (H)	10	1.4%
Ile (I)	12	1.7%
Leu (L)	94	13.3%
Lys (K)	26	3.7%
Met (M)	7	1.0%
Phe (F)	33	4.7%
Pro (P)	80	11.3%
Ser (S)	57	8.0%
Thr (T)	47	6.6%
Trp (W)	8	1.1%
Tyr (Y)	19	2.7%
Val (V)	40	5.6%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 39

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 86

Atomic composition:

Carbon	C	3489
Hydrogen	H	5534
Nitrogen	N	984
Oxygen	O	952
Sulfur	S	31

Formula: C₃₄₈₉H₅₅₃₄N₉₈₄O₉₅₂S₃₁
Total number of atoms: 10990

Extinction coefficients:

Extinction coefficients are in units of M⁻¹ cm⁻¹, at 280 nm measured in water.

Ext. coefficient 73810
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.952, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 72310
Abs 0.1% (=1 g/l) 0.933, assuming all Cys residues are reduced

Estimated half-life:

The N-terminal of the sequence considered is M (Met).

The estimated half-life is: 30 hours (mammalian reticulocytes, in vitro).

>20 hours (yeast, in vivo).

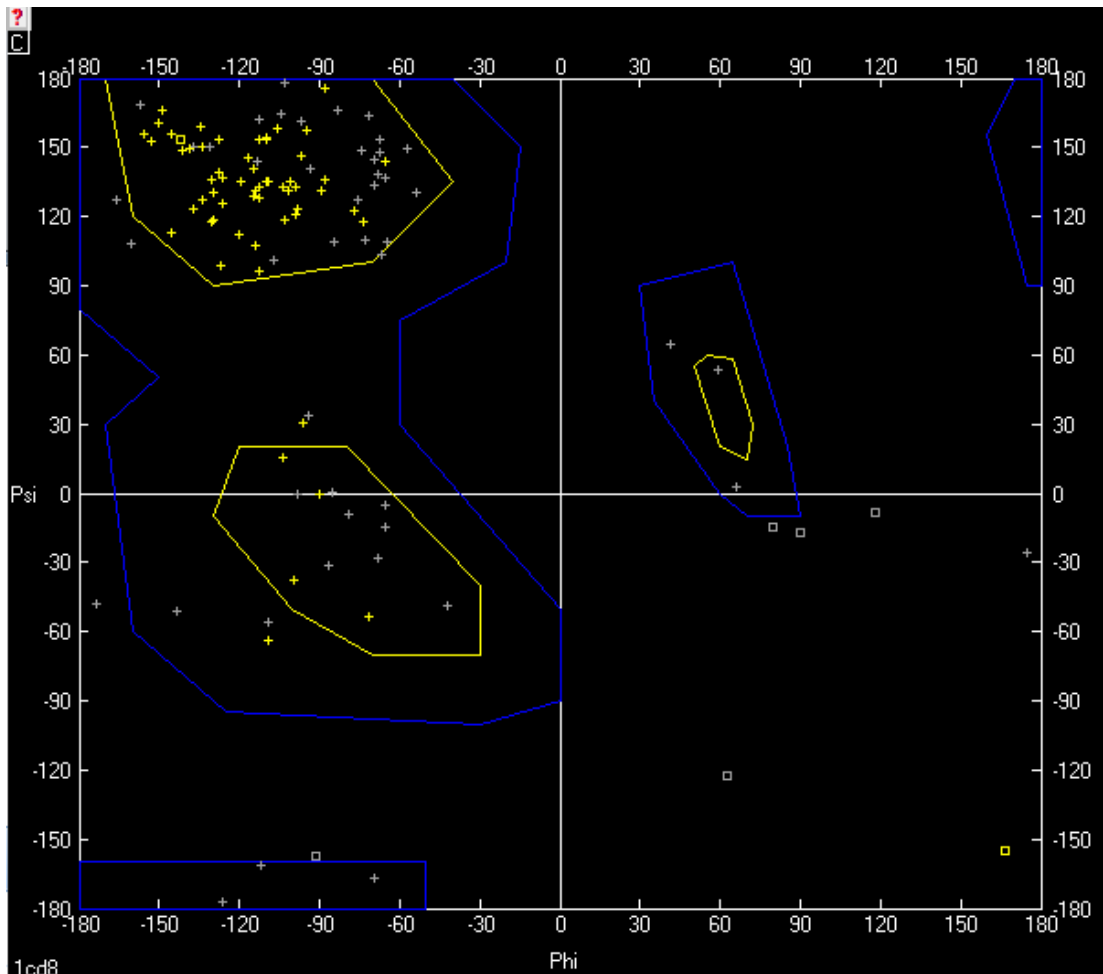
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

Instability index:

The instability index (II) is computed to be 48.66
This classifies the protein as unstable.

Aliphatic index: 84.68

Grand average of hydropathicity (GRAVY): -0.092



Τα αμινοξέα που βρίσκονται εκτός του Ramachandran Plot είναι:

Ala 43, Arg 40

Η γλυκίνη είναι το απλούστερο και μικρότερο αμινοξύ, με μόνο ένα άτομο υδρογόνου ως πλευρική αλυσίδα. Το πιο χαρακτηριστικό γνώρισμα είναι ότι η απουσία μιας μεγαλύτερης πλευρικής αλυσίδας δίνει στο πεπτιδικό σκελετό πολύ μεγαλύτερη διαμορφωτική ευελιξία σε σχέση με τα άλλα κατάλοιπα. Επειδή η πλευρική αλυσίδα της γλυκίνης είναι μικρή (μόλις ένα άτομο υδρογόνου), η γλυκίνη μπορεί να συμμετέχει σε πολλές διαμορφώσεις μη αποδεκτές για άλλα αμινοξέα.