

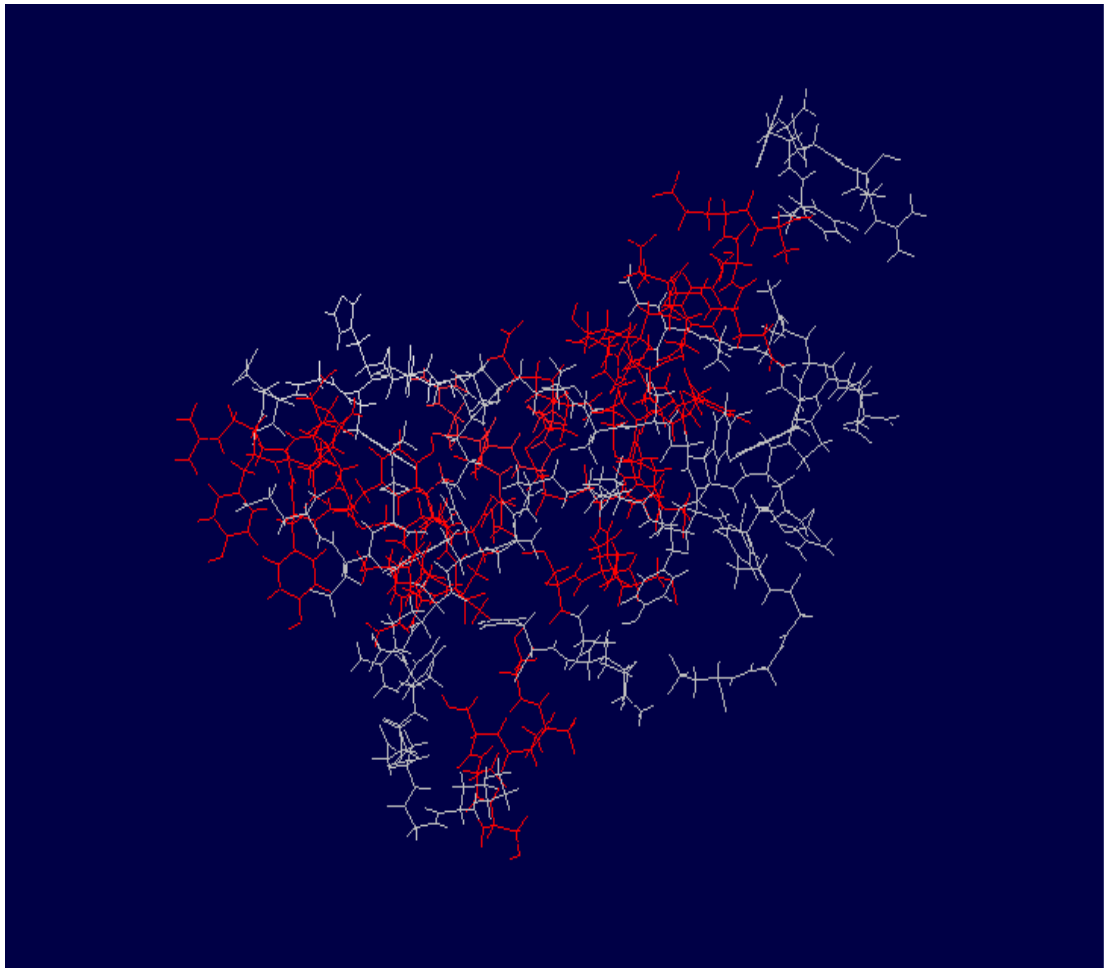
ΕΡΓΑΣΙΑ ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ

ΓΕΩΡΓΟΠΟΥΛΟΥ ΧΡΙΣΤΙΝΑ (ΑΕΜ:8293)

ΒΟΓΙΑΤΖΗ ΝΙΚΟΛΕΤΑ (ΑΕΜ:8630)

ΜΗΛΙΑΓΚΟΥ ΑΛΕΞΑΝΔΡΑ-ΕΛΙΣΑΒΕΤ (ΑΕΜ:8340)

Κωδικός πρωτεΐνης: 1QM2 (P04156)



Τα sequence από το UnitProt είναι :

Fasta1

```
>sp|P04156|PRIO_HUMAN Major prion protein OS=Homo sapiens GN=PRNP
PE=1 SV=1
MANLGCWMLVLFVATWSDLGLCKKRPKPGGWNTGGSRYPGQGSPPGNRYPPQGGGGWGQP
HGGGGWQPHGGGGWQPHGGGGWQPHGGGGWQGGGTHSQWNKPSKPKTNMKHMAGAAAAGA
VVGGLGGYMLGSAMSRPIIHFGSDYEDRYRENMHRYPNQVYYRPMDEYSNQNNFVHDCV
NITIKQHTVTTTTKGENFTETDVKMMERVVEQMCITQYERESQAYYQRGSSMVLFSPPV
ILLISFLIFLIVG
```

Fasta2

```
>sp|P04156-2|PRIO_HUMAN Isoform 2 of Major prion protein OS=Homo
sapiens GN=PRNP
MLVLFVATWSDLGLCKKRPKPGGWNTGGSRYPGQGSPPGNRYPPQGGGGWGQPHGGGGWQ
PHGGGGWQPHGGGGWQPHGGGGWQGGGTHSQWNKPSKPKTNMKHMAGAAAAGAVVGGLGG
YMLGSAMSRPIIHFGSDYEDRYRENMHRYPNQVYYRPMDEYSNQNNFVHDCVNITIKQH
TVTTTTKGENFTETDVKMMERVVEQMCITQYERESQAYYQRGSSMVLFSPPVILLISFL
IFLIVG
```

Fasta3

```
>sp|F7VJQ1|APRIO_HUMAN Alternative prion protein OS=Homo sapiens
GN=PRNP PE=1 SV=1
MEHWGQPIPGAGQPWRQPLPTSGRWLGAASWWLGAASWWLGAAPWWLGTASWWLW
SRRWHPQSVEQAE
```

Τα αποτελέσματα της αναζήτησης από το ProtParam:

User-provided sequence:

```
      10      20      30      40      50      60
MANLGCWMLV L FVATWSDLG LCKKRPKPGG WNTGGSRYPG QGSPGGNRYP P QGGGGWGQP
      70      80      90     100     110     120
HGGGGWQPHG GGWQPHGGG WGQPHGGWG QGGGTHSQWN KPSKPKTNMK HMAGAAAAGA
     130     140     150     160     170     180
VVGGLGGYML GSAMSRPIIH FGSDYEDRYR RENMHRYPNQ VYYRPMDEYS NQNNFVHDCV
     190     200     210     220     230     240
NITIKQHTVT TTTKGENFTE TDVKMMERVV EQMCITQYER ESQAYYQRGS SMVLFSPPV
     250     260     270     280     290     300
ILLISFLIFL IVGMLVLFVA TWSDLGLCKK RPKPGGWNTG GSRYPGQGS P GGNRYPPQGG
     310     320     330     340     350     360
```

GGWGQPHGGG WGQPHGGGWG QPHGGGWGQP HGGGWGQGGG THSQWNKPSK PKTNMKHMAG

370 380 390 400 410 420
AAAAGAVVGG LGGYMLGSAM SRPIIHFGSD YEDRYRENM HRYPNQVYR PMDEYSNQNN

430 440 450 460 470 480
FVHDCVNITI KQHTVTTTTK GENFTETDVK MMERVVEQMC ITQYERESQA YYQRGSSMVL

490 500 510 520 530 540
FSSPPVILLI SFLIFLIVGM EHWGQPIPGA GQPWRQPLPT SGRWWLGAAS WWWLGAASWW

550 560 570
WLGAAPWWWL GTASWWWLGS RRWHPQSVEQ AE

References and documentation are available.

Number of amino acids: 572

Molecular weight: 63201.1

Theoretical pI: 9.28

Amino acid composition:

CSV format

Ala (A)	28	4.9%
Arg (R)	26	4.5%
Asn (N)	23	4.0%
Asp (D)	12	2.1%
Cys (C)	7	1.2%
Gln (Q)	35	6.1%
Glu (E)	21	3.7%
Gly (G)	98	17.1%
His (H)	22	3.8%
Ile (I)	19	3.3%
Leu (L)	29	5.1%
Lys (K)	20	3.5%
Met (M)	24	4.2%
Phe (F)	14	2.4%
Pro (P)	41	7.2%
Ser (S)	36	6.3%
Thr (T)	28	4.9%
Trp (W)	34	5.9%
Tyr (Y)	26	4.5%
Val (V)	29	5.1%
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): 33

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 46

Atomic composition:

Carbon C 2841

Hydrogen	H	4170
Nitrogen	N	806
Oxygen	O	787
Sulfur	S	31

Formula: C₂₈₄₁H₄₁₇₀N₈₀₆O₇₈₇S₃₁
Total number of atoms: 8635

Extinction coefficients:

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

Ext. coefficient 226115
Abs 0.1% (=1 g/l) 3.578, assuming all pairs of Cys residues form cystines

Ext. coefficient 225740
Abs 0.1% (=1 g/l) 3.572, 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).

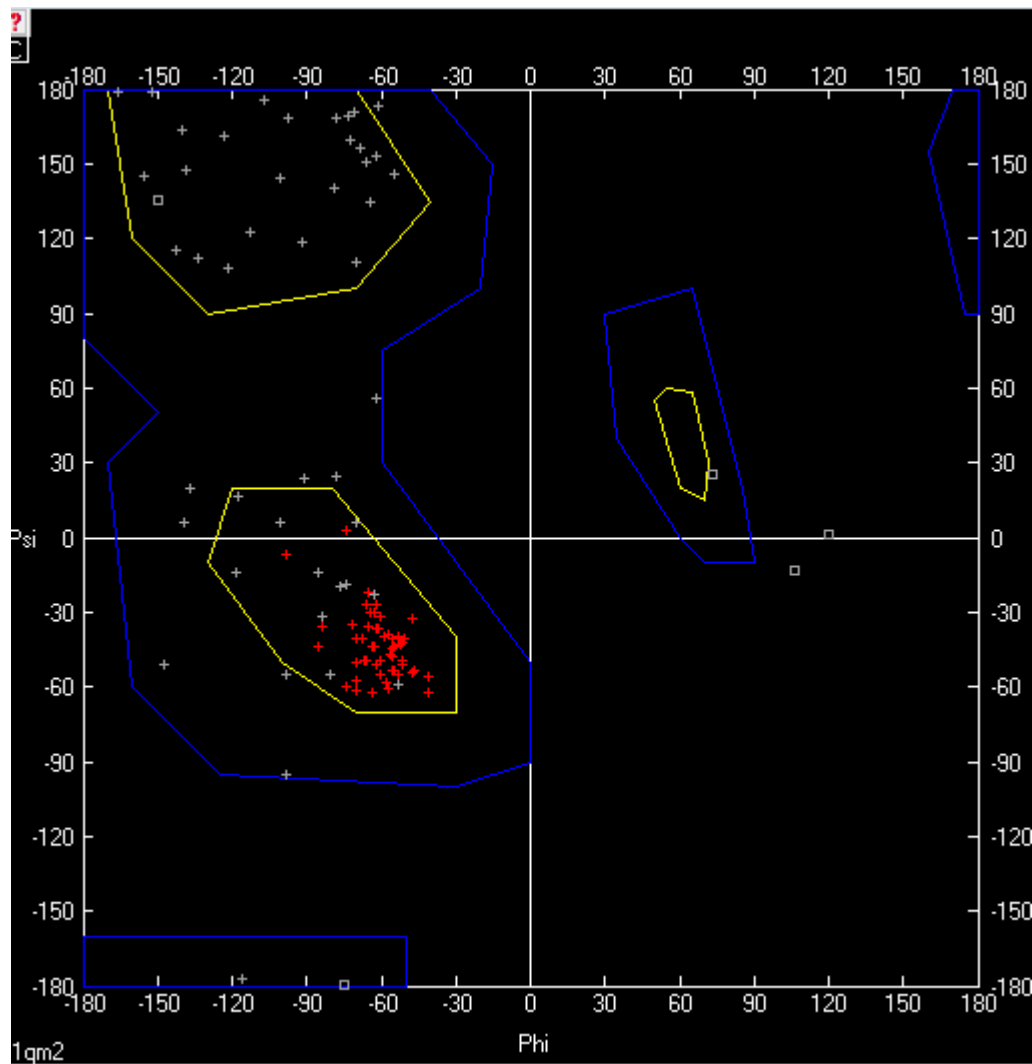
>10 hours (Escherichia coli, in vivo).

Instability index:

The instability index (II) is computed to be 45.25
This classifies the protein as unstable.

Aliphatic index: 52.33

Grand average of hydropathicity (GRAVY): -0.579



Τα αμινοξέα που βρίσκονται εκτός του Ramachandran Plot είναι:

.Δεν υπάρχουν αμινοξέα που είναι εκτός των επιτρεπτών περιοχών, με εξαίρεση δύο αμινοξέων γλυκίνης 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. Η γλυκίνη οπότε μπορεί να συμμετέχει σε πολλές διαμορφώσεις μη αποδεκτές για άλλα αμινοξέα.