

بسمه تعالی

حدیث حیدری

دانشگاه شهید اشرفی اصفهانی

رشته: میکروبیولوژی

شماره دانشجویی: 9812257031

درس: مبانی بیوانفورماتیک (معرفی به استاد)

نام استاد: دکتر زهرا زمانزاده

گلوکوسربروزیداز (Gcase):

گلوکوسربروزیداز توسط ژن GBA1 کد می شود. اختلال در این پروتئین فعالیت لیزوزیمی را مهار می کند و توانایی کلی سلول برای تجزیه پروتئین ها به ویژه پروتئین آلفا- سینوکلئین را کاهش می دهد. کاهش حذف آلفا- سینوکلئین می تواند منجر به تجمع غیر طبیعی آلفا- سینوکلئین می شود که یک نشانگر زیستی بیماری پارکینسون (PD) است. تقریباً 5 تا 15 درصد از بیماران PD دارای جهش در ژن GBA هستند که آن را مهم ترین عامل خطر ژنتیکی برای بیماری PD تبدیل می کند. یکی از مشخصه های بیماری پارکینسون وجود اجسام *lewy* است که عمدتاً از آلفا- سینوکلئین تشکیل می شود. گلوکوسربروزیداز داری فعالیت هیدرولاز گلیکوزید لیزوزیمی است که گلوکوزیل سرامید را هیدرولیز می کند، نقص در گلوکوسربروزیداز منجر به تجمع گلوکوزیل سرامید شده که باعث ایجاد بیماری ذخیره لیزوزیمی، معروف به گوچر می شود. بیماری گوچر از نظر فنوتیپی متنوع است و دارای اشکال نورونوپاتیک و غیر نورونوپاتیک است. هم بیماران مبتلا به بیماری گوچر و هم ناقلان هتروزیگوت در معرض افزایش خطر ابتلا به بیماری پارکینسون هستند.

- 1) Johnson PH, Weinreb NJ, Cloyd JC, Tuite PJ, Kartha RV. DOI: 10.1016/j.ymgme.2019.10.006. PMID: 31761523 . PMCID: PMC7002237
- 2) Martínez-Bailén M, Clemente F, Matassini C, Cardona F. DOI: 10.3390/ph15070823 . PMID: 35890122 . PMCID: PMC9325019
- 3) Smith L, Schapira AHV. DOI: 10.3390/cells11081261. PMID: 35455941. PMCID: PMC9029385

-----

## Glocosylceramidase beta1 :

نام مستعار glucocerebrosidase آن است.

محصول نهایی این ژن پروتئین کد میکند.

ارگانیسمی که این ژن در آن فعالیت می کند انسان است .

این ژن در موش ، خوک، گوسفند هم هست. روی کروموزوم 1 قرار دارد.

12 تا اگزون دارد: 1.....164 ، 5333.....620 ، 1173.....1364 ، 1488.....1634.

بیشترین قسمتی از بدن که این ژن بیان می شود ، تیروئید است.

جهش باعث 5 رونوشت(mRNA) از روی این ژن شده است: رونوشت اول دارای 2291 جفت باز ، رونوشت دوم

دارای 2344 جفت باز ، رونوشت سوم دارای 2325 جفت باز ، رونوشت چهارم دارای 2161 جفت باز ، رونوشت

پنجم دارای 2144 جفت باز ، و توالی رونوشت دوم این است:

>NM\_001005741.3 Homo sapiens glucosylceramidase beta 1 (GBA1), transcript variant 2, mRNA

```
ATCCTGCCTTCAGAGTCTTACTGCGCGGGGCCCCAGTCTCCAGTCCCAGCCAGGCGCCTTTGCGAGGCTGC
GGTGGGATTTTCGTTTTGCCTCCGGTTGGGGCTGCTGTTTCTCTTCGCCGACGTGGATCCTCTATCCTTCA
GAGACTCTGGAACCCCTGTGGTCTTCTCTTCATCTAATGACCCTGAGGGGATGGAGTTTTCAAGTCCTTC
CAGAGAGGAATGTCCCAAGCCTTTGAGTAGGGTAAGCATCATGGCTGGCAGCCTCACAGGATTGCTTCTTA
CTTCAGGCAGTGTCTCGTGGGCATCAGGTGCCCGCCCCGTCATCCCTAAAAGCTTCGGGTACAGCTCGGTGG
TGTGTGTCTGCAATGCCACATACTGTGACTCCTTTGACCCCCGACCTTTCCTGCCCTTGGTACCTTCAG
CCGCTATGAGAGTACACGCAGTGGGCGACGGATGGAGCTGAGTATGGGGCCCATCCAGGCTAATCACACG
GGCACAGGCTGCTACTGACCCTGCAGCCAGAACAGAAGTTCCAGAAAAGTGAAGGGATTTGGAGGGGCCA
TGACAGATGCTGCTGCTCTCAACATCCTTGCCCTGTCACCCCCTGCCCAAAATTTGCTACTTAAATCGTA
CTTCTCTGAAGAAGGAATCGGATATAACATCATCCGGGTACCCATGGCCAGCTGTGACTTCTCCATCCGC
ACCTACACCTATGCAGACACCCCTGATGATTTCCAGTTGCACAACCTCAGCCTCCAGAGGAAGATACCA
AGCTCAAGATAACCCCTGATTCACCGAGCCCTGCAGTTGGCCAGCGTCCCGTTTCACTCCTTGCCAGCCC
CTGGACATCACCCACTTGGCTCAAGACCAATGGAGCGGTGAATGGGAAGGGGTCACCTCAAGGGACAGCCC
GGAGACATCTACCACCAGACCTGGGCCAGATACTTTGTGAAGTTCTGGATGCCTATGCTGAGCACAAGT
TACAGTTCTGGGCAGTGACAGCTGAAAATGAGCCTTCTGCTGGGCTGTTGAGTGGATACCCCTTCCAGTG
CCTGGGCTTACCCCTGAACATCAGCGAGACTTCATTGCCCGTGACCTAGGTCCCTACCCCTCGCCAACAGT
ACTCACCACAATGTCCGCCTACTCATGCTGGATGACCAACGCTTGTGCTGCTGCCCCACTGGGCAAAGGTGG
TACTGACAGACCCAGAAGCAGCTAAATATGTTTCATGGCATTTGCTGTACATTTGGTACCTGGACTTTCCTGGC
```

NG\_009783.1.

ژن GBA1 دارای 17246 جفت باز ، جنس آن از DNA نوع خطی است.

با این ژن یک پروتئین غشا لیزوزیمی کد می شود که پیوند بتا گلیکوزیدی گلوکوزیل سرامید را می شکند. جهش

در این ژن باعث بیماری گوچر می شود. گوچر یک بیماری ذخیره لیزوزیمی است که گلوکوسربروزاید تجمع پیدا

می کند.

>NG\_009783.1:8449-15246 Homo sapiens glucosylceramidase beta 1 (GBA1), RefSeqGene on chromosome 1  
GGAATTACTTGCAGGGCTAACCTAGTGCCTATAGCTAAGGCAGGTACCTGCATCCTTGTTTTTGTTTGTAGT  
GGATCCTCTATCCTTCAGAGACTCTGGAACCCCTGTGGTCTTCTCTCATCTAATGACCCTGAGGGGATG  
GAGTTTTCAAGTCTTCCAGAGAGGTAAGAGAGAGAGCTCCCAATCAGCATTGTCACAGTGCCTTCTGGAA  
TCCTGGCACTGGAATTTAATGAATGACAGACTCTCTTTGAATCCAGGGCCATCATGGCTCTTTGAGCAAG  
GCACAGATGGAGGGAGGGGTGCAAGTTGAAATGGGTGGGAAGAGTGGTGGGGAGCATCCTGATTTGGGGT  
GGGCAGAGAGTTGTCATCAGAAGGGTTGCAGGGAGAGCTGCACCCAGGTTTCTGTGGGCCCTTGTCTAAT  
GAATGTGGGAGACCGGGCCATGGGCACCCAAAGGCAGCTAAGCCCTGCCAGGAGAGTAGTTGAGGGGTG  
GAGAGGGGCTTGCTTTTTCAGTCAATTCCTCATTCTGTCTCAGGAATGTCCCAAGCCTTTGAGTAGGGTAA  
GCATCATGGCTGGCAGCCTCACAGGATTGCTTCTACTTCAAGCAGTGTCTGTGGGCATCAGGTGAGTGTG  
CAAGGCAGTGGGGAGGTAGCACAGAGCCTCCCTTCTGCCCTCATAGTCCCTTGGTAGCCTTCCAGTAAGCT  
GGTGGTAGACTTTTTAGTAGGTGCTCAATAAATCCTTTTGTAGTACTGAGACCAACTTTGGGGTGGAGATT  
TTGTTTTTTTTTCTTTTTGAAACAGAGTCTTACTCTGTTCCTGGGCTGGAGTGCAGTGGTGCATTTTTGGC  
TCATTCCAACCTCTGCCTCCAGATTCAAGCGATTCTCTTGTCTCAGCTTCCCAGGTAGCTGGGATTACA  
GGCGGCCACCACTACGCCAGCTAATTTTTGTATTTTTTAGTAGAGACGGGGTTTACCATGCTGGCAAGG  
CAGGTCTCAAACCTCCTCACCTCAGGTGATCCGCCACCTCGGCCCTCAAAGTGTAGGATTACAGGTGT  
GAGCCCCTGCGCCCGGCCAAGGGGTGAGGAATTTGAAACCGTGTTCAGTCTCTCCTAGCAGATGTGTCC  
ATTCTCCATGTCTTCATCAGACCTCACTCTGCTTGTACTCCCTCCCTCCCAGGTGCCCGCCCTGCATCC  
CTAAAAGCTTCGGCTACAGCTCGGTGGTGTGTGTCTGCAATGCCACATACTGTGACTCCTTTGACCCCC  
GACCTTTCCTGCCCTTGGTACCTTCAGCCGCTATGAGAGTACACGCAGTGGGCGACGGATGGAGCTGAGT  
ATGGGGCCCATCCAGGCTAATCACACGGGCACAGGTAACCATTACACCCCTCACCCCTGGGCCAGGCTG  
GGTCTCCTAGAGGTAAATGGTGTGAGTATCACCATGGAGTTTCCCGCTGGGTACTGATACCCCTTATTC  
CCTGTGGATGTCCTCAGGCCTGCTACTGACCCTGCAGCCAGAAGTTCAGAAAGTGAAGGGATTT  
GGAGGGGCCATGACAGATGCTGCTGCTCAACATCCTTGCCCTGTCACCCCTGCCAAAATTTGCTAC  
TTAAATCGTACTTCTCTGAAGAAGGTGAGGAGGAAGGGGACAAGATGACATAGAGCCATTGAACTTTTC  
GTTTTTCTTTTTTTTTTTTTAAAATTTTTTTGAGGCAGAATCTCACTCTGCCATTCTGTGCGGAGACAG  
GAGTGCAGTGGTGTGATCTCCCTCACAGCAACCTTGCCTCCCAGGCTATAGTGAATTTCTCTGCTGCTCAG  
CCTCCTGAGTAGTGGAAATTATAGCCGTGCGCCACTACCACCTGGCTAAATTTTTGTATTTTTTAGTAGAGA  
CAGGGTTTTCATCATGTTGACCAGGCTAGTCTTAAACTCCTGACCTCAAATGATATACCTGCCTTGGCCTC  
CCGAAGTGCTGGAATTACAAGTGTGAGCCACCGAGCCAGCAGACACTTTTTCTTTTTTTTTTTTTTTTT  
TTGAGACAGAGTCTCGCACTGTCAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCACAATCTCAGCTCACTGCAACCTCC  
ACCTCCCGGGTTCAGGTGATTCTCCTGTCTCAGCCTCTCGAGTACCTGGGATTACAGGTGCCGCCACCA  
CGCCCGGCTAATTTTTTTGTATTTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACTATGTTGGCCAGGATGATTGCGAACT  
CCTGACCTCGTGATCTGCCACATCGGCCTCCAAAGTGTGGGATTACATGCGTGAGCCACTGACACTT  
TTCTTTGCCCTTTCTTTGGACCCCTGACTTCTGCCATCCCTGACATTTGGTTCCTGTTTTAATGCCCTGT  
GAAATAAGATTTACCCGCTATCATCTGCTAACTGCTACGGACTCAGGCTCAGAAAGGCCTGCGCTTCCAC  
CCAGGTGCCAGCCTCCACAGGTTCCAACCCAGGAGCCCAAGTTCCTTTGGCCCTGACTCAGACACTATT  
AGGACTGGCAAGTGATAAGCAGAGTCCCATACTCTCCTATTGACTCGGACTACCATATCTTGATCATCCT  
TTTTCTGTAGGAATCGGATATAACATCATCCGGGTACCCATGGCCAGCTGTGACTTCTCCATCCGCACCTA  
CACCTATGCAGACACCCCTGATGATTTCCAGTTGCACAACCTTCAGCCTCCCAGAGGAAGATACCAAGCTC  
AAGGTAGGCATTCTAGCTTTTTTCAGGCCCTGAGGGCCCTGATGTCTGGGGTTGAGAACTGTAGGGTAG  
GTCTGCTTGTACAGACATTTTGTCCCCTGCTGTTTTGTCTGGGGTGGGAGGGTGGAGGCTAATGGCTG  
AACCGGATGCACTGGTTGGGCTAGTATGTGTTCCAACCTCTGGGTGCTTCTCTCTTCACTACCTTTGTCTC  
TAGATACCCCTGATTCACCGAGCCCTGCAGTTGGCCAGCGTCCCGTTTCACTCCTTGCAGCCCTGGA  
CATCACCCACTTGGCTCAAGACCAATGGAGCGGTGAATGGGAAGGGTCACTCAAGGGACAGCCCGGAGA  
CATCTACCACCAGACCTGGGCCAGATACTTTGTGAAGTAAGGGATCAGCAAGGATGTGGGATCAGGACTG  
GCCTCCCATTTAGCCATGCTGATCTGTGTCCCAACCCCTCAACCTAGTTCCACTTCCAGATCTGCCTGTCC  
TCAGCTCACCTTTTCTACCTTCTGGGCCTTTTCAGCCTTGGGCCTGTCAATCTTGGCCACTCCATCAGGCTT  
CCTGTTCTCTCGGTCTGGCCACTTTCTTTTTATTTTTCTTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGAAGGAGTCTCT  
CTCTCTGTCAACCAGGCTGGAGTGTGTGGCGCCATCTTCACTCACTGTAACCTCTGCCTCCTGAGTTCA  
AGCAATTCTCCTGCCTCAGCCTTCCAAGTAGCTGGGATTATAGGCGCTGCCACCAGGCCAGCTGATTT

توالی پروتئین از سایت uniprot:

نام پروتئین: Lysosomal acid glucosylceramidase

ارگانسمی که این پروتئین در آن وجود دارد: Homo sapiens(human)

بیماری های آن: یک بیماری ذخیره لیوزومی، به دلیل فعالیت کم بتا گلوکوسربروزیداز که باعث تجمع گلوکوزیل سرامید می شود. پارکینسون: یک اختلال عصبی که با لرزش در حالت استراحت و سفتی عضلات ، و زوال عقل مشخص می شود. این بیماری معمولا بعد از 50 سالگی بروز میکند.

این پروتئین دارای 3 isoform است : ایزوفورم اول دارای 487 آمینو اسید ، ایزوفورم دوم دارای 449 آمینو اسید، ایزوفورم سوم دارای 536 آمینو اسید است ، توالی ایزوفورم اول این است:

```
>tr|A0A0G2JNZ0|A0A0G2JNZ0_HUMAN Glucosylceramidase OS=Homo sapiens OX=9606
GN=GBA1 PE=1 SV=1
MEFSSPSREECPKPLSRVSIAGSLTGLLLLQAVSWASGARPCIPKSFYSSVVCVCNAT
YCDFDPPTFPALGTFSTRYESTRSGRRMELSMGPIQANHTGTGIGYNIIRVPMASCDFSI
RTYTYADTPDDFQLHNFSLPEEDTKLKIPLIHRALQLAQRVSLLASPWTSPTWLKTNGA
VNGKGSLSKQPGDIYHQTWARYFVKFLDAYAEHKLQFVAVTAENEPSAGLLSGYPFQCLG
FTPEHQRFDIARDLGPLANSTHHNVRLMLDDQRLLLPHWAKVVLTDPEAAKYVHGIIV
HWYLDLFLAPAKATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVRLGSWDRGMQYSHSIIITN
LLYHVVGWTDWNLALNPEGGPNWVRNFVDSPIIVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEG
SQRVGLVASQKNDLDAVALMHPDGSVVVVVLRSSKDVPLTIKDPVAVGFLETISPGYSIH
TYLWCRQ
```

Alignment با نرم افزار clustalx



Multiple sequence Alignment:

توالی پروتئین بدون blast

قسمت هایی که ستاره دارد یعنی همه ی آمینو اسید ها یک هستند

قسمت هایی که دونقطه دارد یعنی یکسان نیستند ولی مشابه اند

قسمت هایی که یک نقطه دارد یعنی اختلاف زیادی بین آن اسیدآمینها است

```

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

sp|P17439|GBA1_MOUSE      -----MAARLIGFFLQAVSWAYGAQPCIPKSFYSSVVCVNAS  40
sp|P04062|GBA1_HUMAN     MEFSSPSREECPKPLSRVSIHAGSETGLLLQAVSWASGARPCIPKSFYSSVVCVNAS  60
                          **.*.*.:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     YCDSLDPVTLPALGTFSRYESRTRRRRMELSVGATQANRTGTGLLLTLQPEKKFKQVKGF  100
sp|P04062|GBA1_HUMAN     YCDSFDPPPTFPALGTFSRYESRTR5GRRMELSMGPIQANHTGTGLLLTLQPEQKFKQVKGF  120
                          *****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     GGAMTDATALNILALSPPTQKLLRSYFSTNGI EYNIIRVPMASCDF SIRVYTYADTPND  160
sp|P04062|GBA1_HUMAN     GGAMTDAALNILALSPPAQNLLKSYFSEEGIGYNIIRVPMASCDFSTRTYTYADTPDD  180
                          *****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     FQLSNFSLPEEDTKLKIPLIHQALKMSSRPI SIFASPWTSPTWLKTNGRVNGKGS LKGP  220
sp|P04062|GBA1_HUMAN     FQLHNFSLPEEDTKLKIPLIHQALQEAQRPVSL LASPWTSPTWLKTNGAVNGKGS LKGP  240
                          ***.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     GDIFHQTWANYFVKFLDAYAKYGLRFWAVTAENEPTAGLITGYPFQCLGFTPEHQDFIS  280
sp|P04062|GBA1_HUMAN     GDITYHQTWARYFVKFLDAYAEHKLQFVAVTAENEPSAGLLSGYPFQCLGFTPEHQDFIA  300
                          ***:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     RDLGPALANSS-HDVKLLMLDDQRLLLPRWAEVVLSDPEAAKYVHGIAVHWYDFLAPAK  339
sp|P04062|GBA1_HUMAN     RDLGPTLANSTHHRVRLMLDDQRLLLPHWAKVVLTDPEAAKYVHGIAVHWYDFLAPAK  360
                          *****:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     ATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVRLGSNDRGMQVSHSIIITNLLYHVTGWTDW  395
sp|P04062|GBA1_HUMAN     ATLGETHRLFPNTMLFASEACVGSKFWEQSVRLGSNDRGMQVSHSIIITNLLYHVVGWTDW  420
                          *****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     NLALNPEGGPNWVRNFVDSPIIVDIPKDAFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVALVASES  459
sp|P04062|GBA1_HUMAN     NLALNPEGGPNWVRNFVDSPIIVDITKDTFYKQPMFYHLGHFSKFIPEGSQRVGLVASQK  480
                          *****.*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

sp|P17439|GBA1_MOUSE     TDLETVALLRPDGSAVVVV LNRSSSDVPLTISDPDLGFLETVSPGYSIHTYLWRRQ  515
sp|P04062|GBA1_HUMAN     NDLDVAALMHPDGSAVVVV LNRSSKDVPLTIKDPVGFLETISPQYSIHTYLWRRQ  536
                          .**:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
                          ..*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*
    
```

### Blast از سایت ncbi

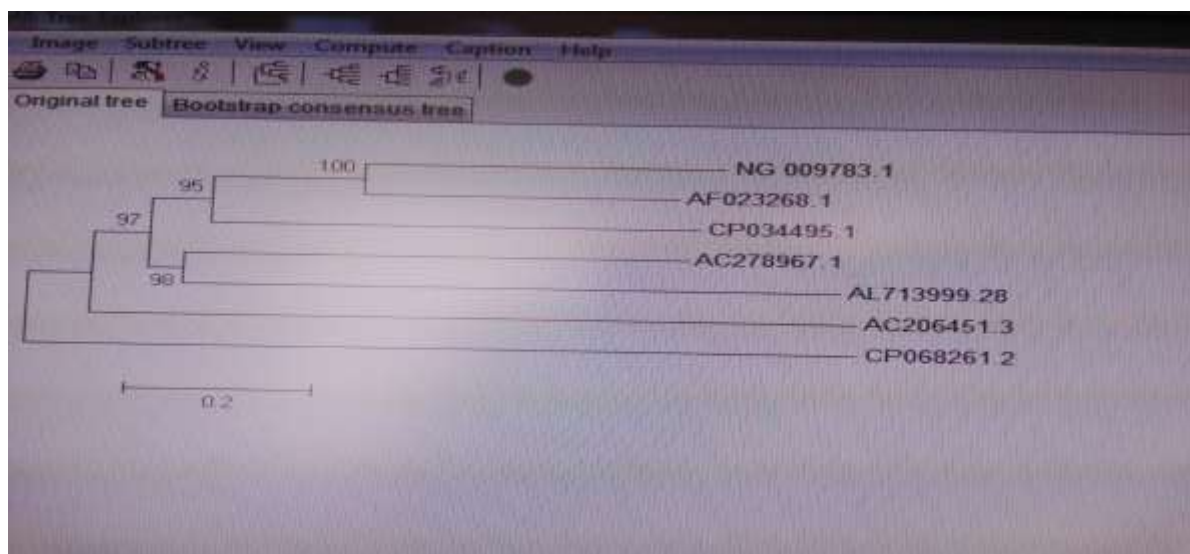
توالی نوکلئوتیدی:

Range آن: 6819 to 7008 ، Identities: (83%) از 158 نوکلئوتید 190 تا از نوکلئوتیدها هم پوشانی دارند. گپ ندارد.

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
174 bits(94)	9e-38	158/190(83%)	0/190(0%)	Plus/Minus
Query 868	TCAAGCGATTCTCTTGTTCAGCTTCCAGGTAGCTGGGATTACAGGCCGCCACCCATAC	925		
Subject 7088	TCAAGCAATTTGCTCTGCTCAGCCTCTGAGTAGCTGGGATTACAGGAGCCACCCAT	6949		
Query 926	GCCCAAGCTAATTTTGTATTTTAGTAGAGACGGGTTTCACCATGCTGGCAAGGCAGGT	985		
Subject 6948	GCCCAAGCTAATTTTGTATTTTAGTAGAGATGGGTTTCACCATGCTGGCCAGGCAGGT	6889		
Query 986	CTCAAACTCTCACCTCAGGTGATCCGCCAACCCTGGCCTCCFAAAGTGC TAGGATTACA	1045		
Subject 6888	CTCGAACCCCTGACCTCAGGTGATCCGCCAACCCTGGCCTCCFAAAGTGC TAGGATTACA	6829		
Query 1046	GGTGTGAGCC	1055		
Subject 6828	GCAATGAGCC	6819		

درخت فیلوژنی:

رسم درخت با نرم افزار mega6



طراحی پرایمر:

```
product length = 2298
Forward primer 1 GGAATTACTTGCAGGGCTAAC 21
Template 1 ..... 21

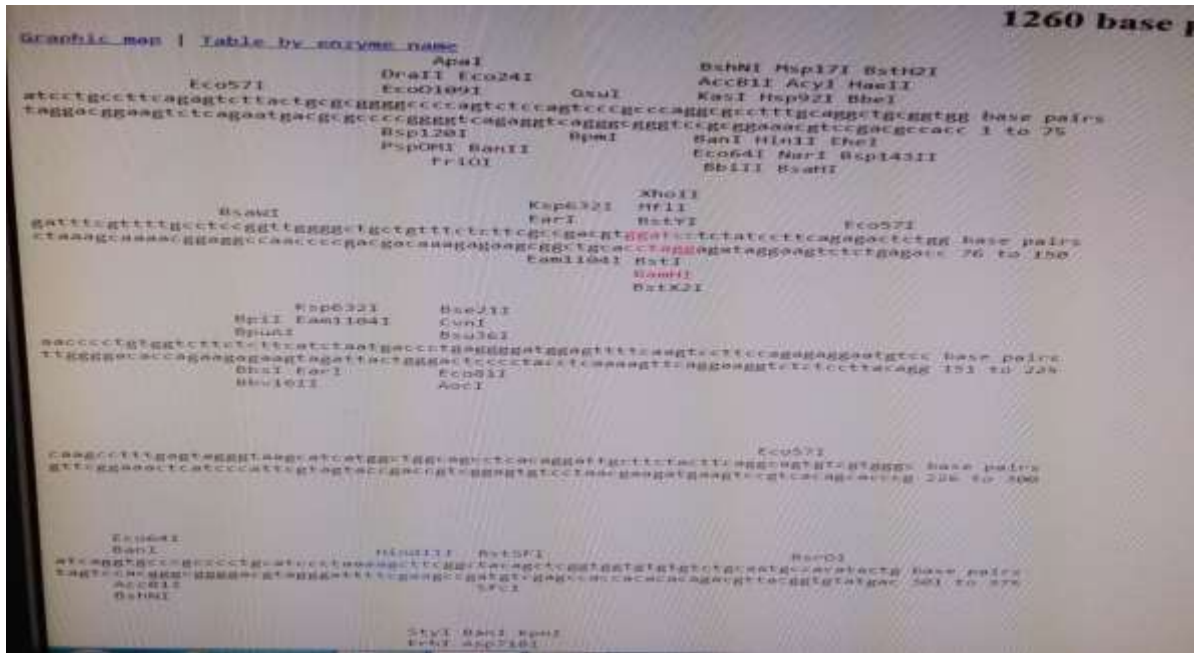
Reverse primer 1 GGGCTCAAACATTTTCTCC 19
Template 2298 ..... 2272
```

دلتا G پرایمر بدون Hairpin :3.8 ، دلتا G پرایمر R:2.5 با Hiarpin 1.3:( Tm Hiarpin : 5.6 c )

درصد G+C : F:47/6 ، R:47/4 محصول پرایمر PCR: طول 2290

Tm : F:56/3 ، R:54/1

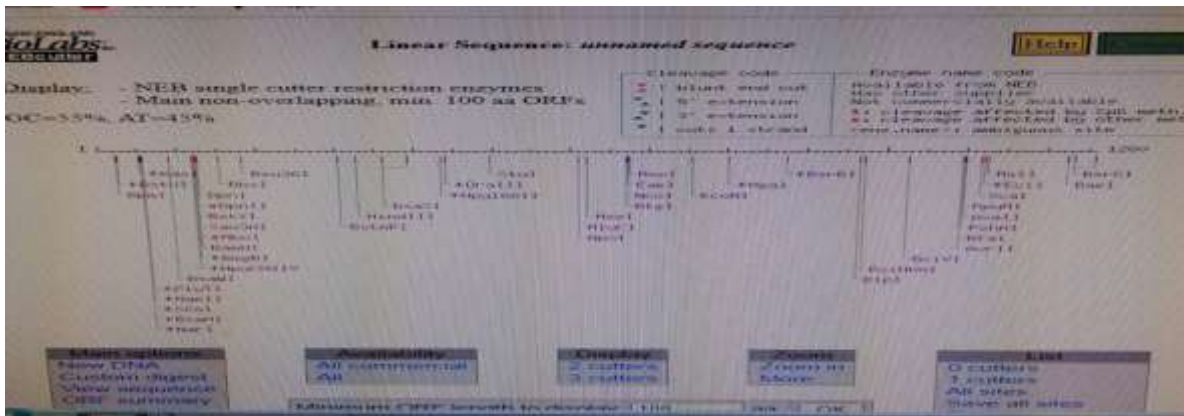
سایت Webcutter:



سایت های webcutter و NEBcutter نشان می دهند که یک نوکلئوتید جایگاه برش برای چه آنزیمی دارد،

مثلا آنزیم Hind III جایگاه برش اش 375 تا 301 است .

سایت NEBcutter:



پیشگویی ساختار پروتئین: (سایت PROTPAROMTOOL)

توالی مورد نظر دارای : 490 اسید آمینه ،

وزن مولکولی 54650.48 ،

20 نوع اسید آمینه ( مثلا 40 تا آلانین که 8.2٪ را شامل می شود یا 11 تا متیونین که 2.2٪ را شامل می شود).

تعداد اسید آمینه های با بار مثبت ( گلوتامیک + آسپارژین) 43 تا هستند و تعداد اسید آمینه های با بار منفی (آرژنین+ لایزین) 42 تا هستند ،

تعداد اتم های کربن 2482 ، هیدروژن 3784 ، نیتروژن 658 ، اکسیژن 700 ، گوگرد 19 ، (کل:7643)

طبق محاسبات انجام شده و عدد بدست آمده (37.43) این پروتئین پایدار است ،

نیمه عمر این پروتئین به شرط آن که نو ترکیب باشد : در سلول پستانداران 30 ساعت ، در مخمر کمتر از 20 ساعت، در ECOLI کمتر از 10 ساعت خواهد بود.

ساختار دوم پروتئین طبق پیش بینی سایت PSIPRED:

از اسید آمینه 8 تا 24 coil است .

از اسید آمینه 16 تا 38 helix است.

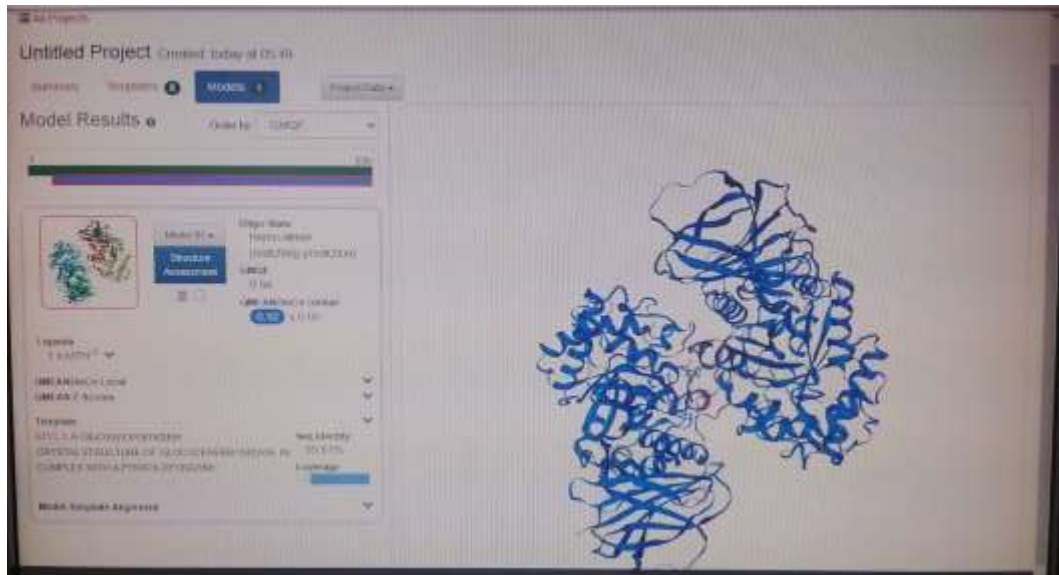
از اسید آمینه 16 تا 24 strand است.





پیشگویی ساختار سوم:

سایت swiss Model :



سایت swiss pdb viewer :

عدد بدست آمده چون عدد منفی (-56573.629) بزرگی است، نشان میدهد که پروتئین ما پایدار است.

A screenshot of a protein structure visualization software interface. The main window displays a 3D ribbon model of a protein structure in blue. The interface is filled with a grid of data, likely representing the protein's structure or properties. The data is organized into columns and rows, with some cells containing numerical values and others containing symbols like 'O' and 'K'. The overall appearance is that of a complex data visualization tool.

رسم Ramachandran plot: 90٪ آمینو اسید ها در ناحیه ی مطلوب و مجاز قرار دارد، پس نتیجه میگیریم مدل ما مدل خوبی است.

