实用生物信息技术

期末总结交流报告会

Semester Summary Seminar for Applied Bioinformatics Course

2020年12月12日

报告人：张佳玲
中国农业科学院研究生院
2020级博士1班
邮箱：l503986256@163.com
微信号:_jl181217

小组成员

编号	姓名	研究所	导师	研究方向
G3A	候琳琳	水稻所	高振宇	水稻硝态氮利用的遗传机制
G3B	段影青	水稻所	胡培松	稻米品质
G3C	朱黎欣	水稻所	钱前	水稻分蘖突变体研究
G3D	张佳玲	作科所	侯文胜	光周期调控基因作用机制

大豆韧皮部伴胞细胞中开花调控基因***GmMRF1***序列分析

Sequence Analysis of FlowingRegulator in Soybean Phloem Companion Cell

主要内容

1. 背景介绍
2. 大豆MRF1蛋白序列分析
3. 大豆MRF1蛋白结构分析
4. 互作蛋白分析

背景介绍

大豆(Glycine max (L.) Merr.) 起源于我国，是我国重要的油料作物和高蛋白粮饲兼用作物，种植面积仅次于水稻、玉米和小麦，居第四位。然而多年来，我国大豆生产一直停滞不前，并由于国内主要粮食作物水稻、小麦紧缺，大豆种植面积被逐步取代锐减。大豆总产自 20 世纪 50 年代初期的世界第一位，滑坡到现在的世界第四。

随着国内消费结构升级，大豆需求快速增加，国内大豆产需缺口不断扩大。美国是全球重要的大豆出口国，在世界粮食市场具有充分话语权，我国作为全球目前最大的大豆进口国，而自中美贸易争端开始以来，中美两国在众多贸易领域产生摩擦并不断升级。

但国产大豆仅能满足国内食品加工消费需求，并且国产大豆价格高、产不足需，中国大豆进口量持续攀升，大豆对外依存度居高不下。为实施国家粮食安全战略，积极应对复杂国际贸易环境，促进我国大豆生产恢复发展，提升国产大豆自给水平，从 2019年起中国实施大豆振兴计划，提高大豆产量减少大豆依赖。

背景介绍

大豆对光周期反应敏感，是典型的短日植物，绝大多数大豆品种只有在日照长度缩短到一定限度后，才能从营养生长转入生殖生长，进而开花结荚。

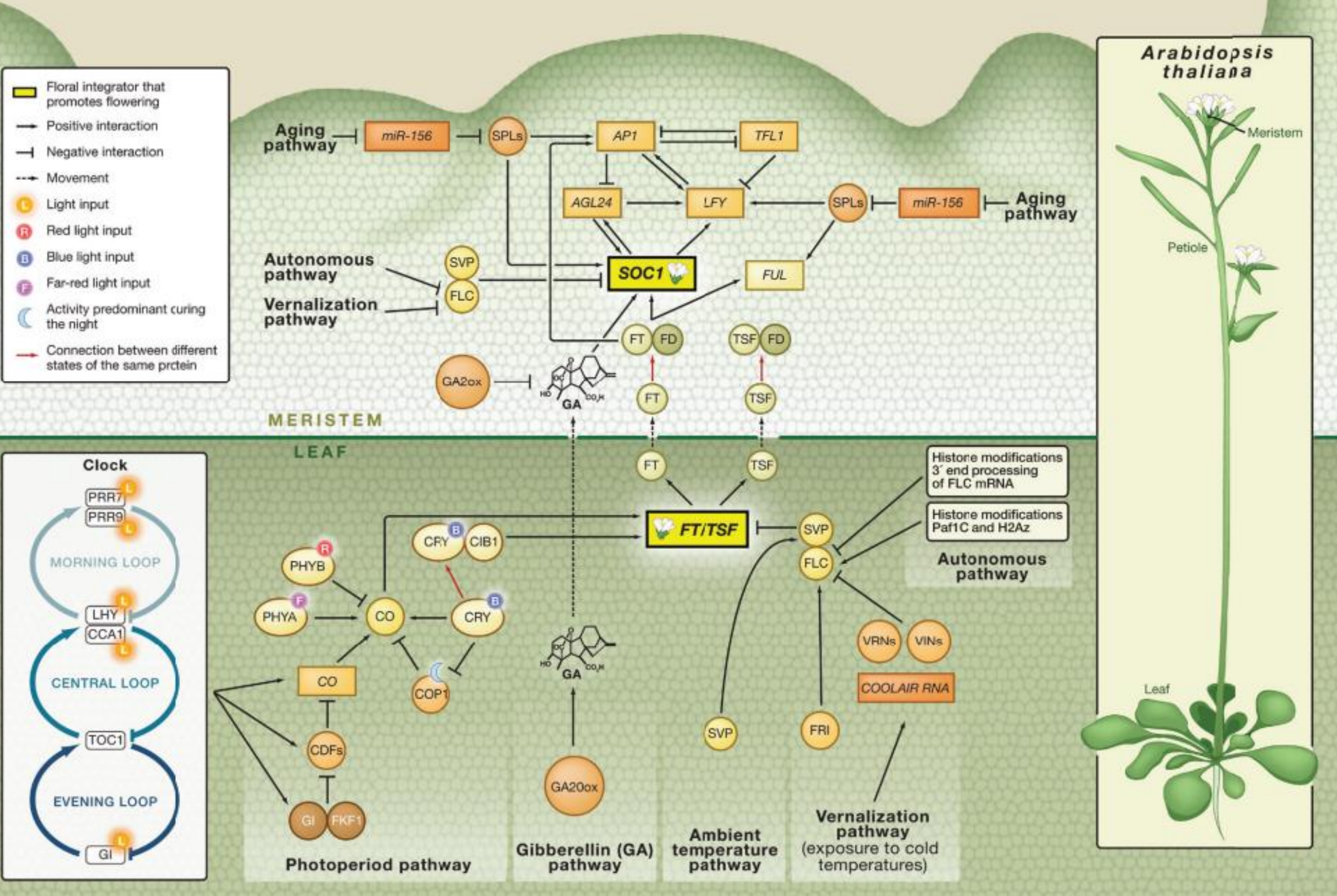
大豆的这种光周期反应特性，造成大豆品种北移种植时，因生长季节日照加长，往往表现为晚花晚熟、生长期延长，甚至不能开花或正常成熟；南移种植时，则因生长季节日照缩短，一般表现为过早开花、生长期缩短，产量降低甚至不能正常生长。大豆开花期和成熟期因受种植区域生长季节日照长度的影响严重，导致大豆品种适宜种植区域普遍比较狭小。

因而研究大豆光周期反应特性以提高大豆品种区域适应性增加种植面积对大豆增产具有重要意义。

SnapShot: Control of Flowering in *Arabidopsis*

Cell

Fabio Fornara, Amaury de Montaigu, and George Coupland
Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Köln 50829, Germany



Phloem companion cell-specific transcriptomic and epigenomic analyses identify MRF1, a novel regulator of flowering

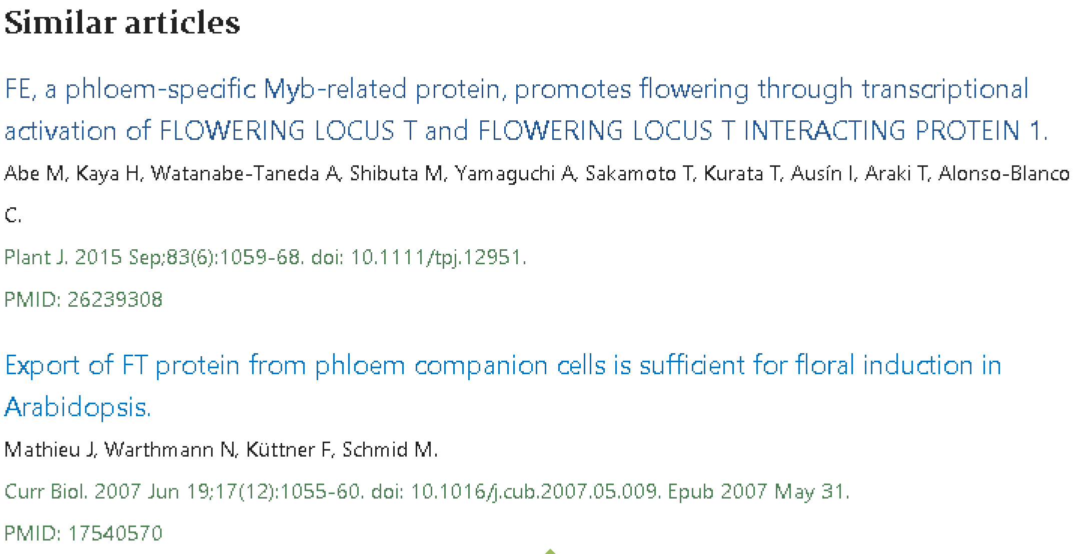
Yuan You, Aneta Sawikowska, Joanne E Lee, Ruben Maximilian Benstein, Manuela Neumann, Paweł Krajewski, Markus Schmid

Published January 2019. DOI: https://doi.org/10.1105/tpc.17.00714

研究利用 INTACT (Isolation of Nuclei TAgged in specific Cell Types)和高通量测序研究了不同光周期条件下拟南芥韧皮部伴胞中转录组和表观基因组的动态变化。该研究发现，在韧皮部伴胞中 H3K4甲基化水平与一些在伴胞中发挥重要功能的基因表达是正相关的，这些基因参与代谢调节，生物节律，发育和表观遗传修饰。

该研究进一步鉴定了韧皮部伴胞中的 *MRF1*（MORN-MOTIF REPEAT PROTEIN REGULATING FLOWERING 1）基因，其表达受光周期强烈诱导。*mrf1* 突变后拟南芥开花延迟，而过表达 *MRF1* 则促进开花。

主要内容



Similar articles

FE, a phloem-specific Myb-related protein, promotes flowering through transcriptional activation of FLOWERING LOCUS T and FLOWERING LOCUS T INTERACTING PROTEIN 1.

Abe M, Kaya H, Watanabe-Taneda A, Shibuta M, Yamaguchi A, Sakamoto T, Kurata T, Ausín I, Araki T, Alonso-Blanco C.

Plant J. 2015 Sep;83(6):1059-68. doi: 10.1111/tpj.12951.

PMID: 26239308

Export of FT protein from phloem companion cells is sufficient for floral induction in Arabidopsis.

Mathieu J, Warthmann N, Küttner F, Schmid M.

Curr Biol. 2007 Jun 19;17(12):1055-60. doi: 10.1016/j.cub.2007.05.009. Epub 2007 May 31.

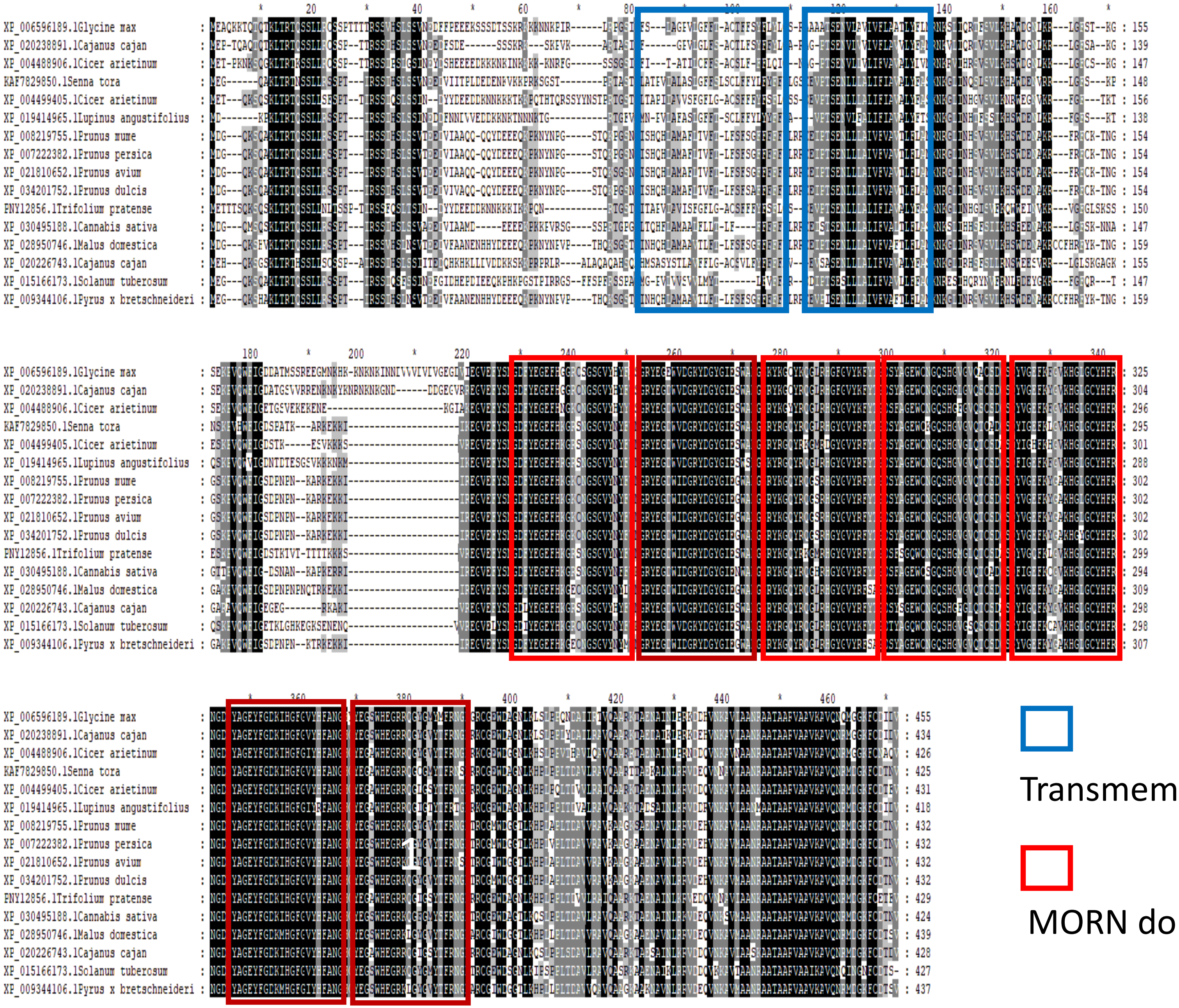
PMID: 17540570

相关信息

Gene : **AT1G21920** *A. thaliana*

DB identifier	**AT1G21920**	Secondary Identifier	
Brief Description	**Histone H3 K4-specific methyltransferase SET7/9 family protein**		
TAIR Computational Description	**Histone H3 K4-specific methyltransferase SET7/9 family protein;(source:Araport11)**		

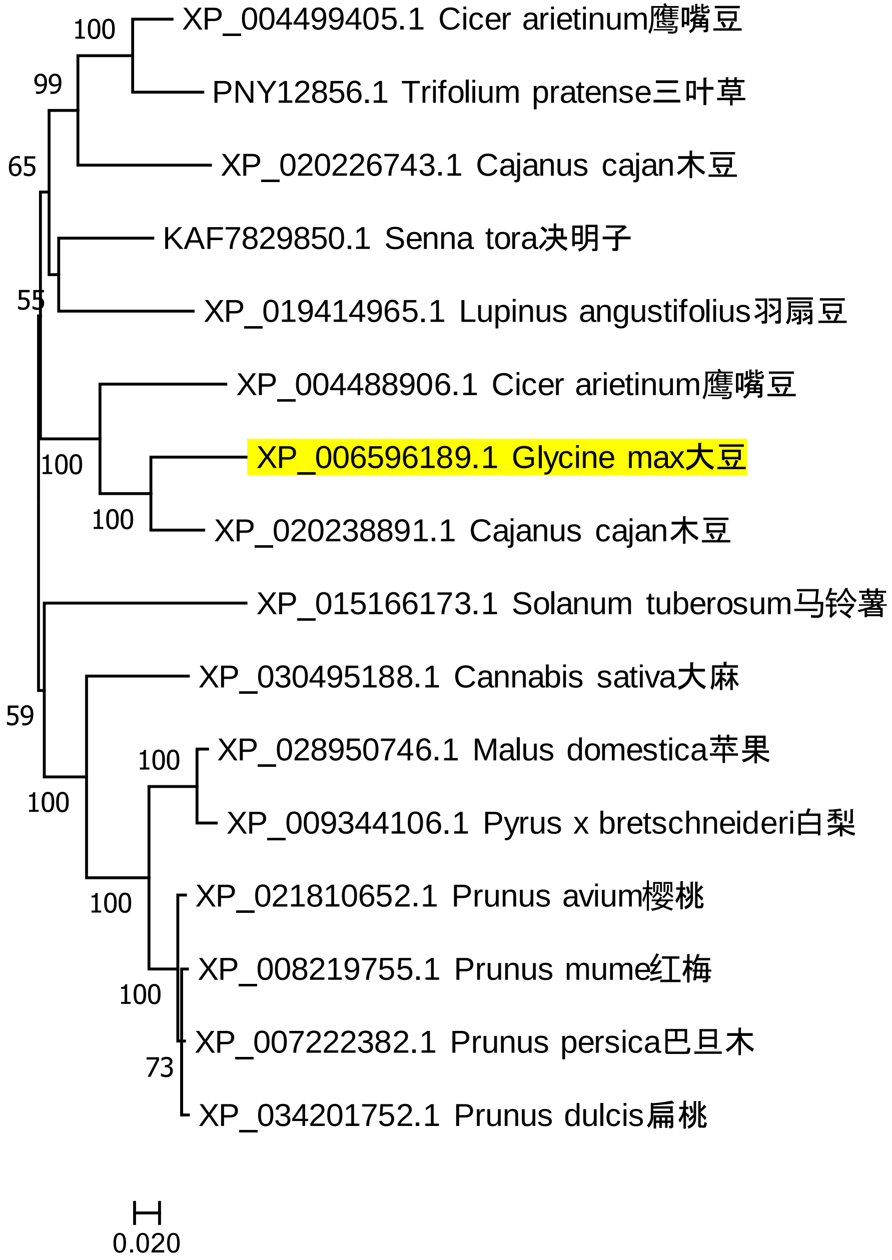
1. 序列分析



🟦 Transmembrane domain

🟥 MORN domain

系统发育树


XP_004499405.1 Cicer arietinum鹰嘴豆
PNY12856.1 Trifolium pratense三叶草
XP_020226743.1 Cajanus cajan木豆
KAF7829850.1 Senna tora决明子
XP_019414965.1 Lupinus angustifolius羽扇豆
XP_004488906.1 Cicer arietinum鹰嘴豆
XP_006596189.1 Glycine max大豆
XP_020238891.1 Cajanus cajan木豆
XP_015166173.1 Solanum tuberosum马铃薯
XP_030495188.1 Cannabis sativa大麻
XP_028950746.1 Malus domestica苹果
XP_009344106.1 Pyrus x bretschneideri白梨
XP_021810652.1 Prunus avium樱桃
XP_008219755.1 Prunus mume红梅
XP_007222382.1 Prunus persica巴旦木
XP_034201752.1 Prunus dulcis扁桃
100
99
65
55
100
100
59
100
100
100
100
73
0.020

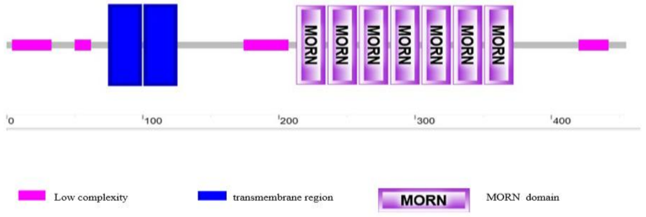
启动子作用元件预测

顺式作用元件	功能	数量
G-box	参与光反应	5
Box 4	参与光反应	7
TCT-motif	光响应元件的一部分	2
GARE-motif	响应赤霉素	1
MSA-like	参与细胞周期调节	1
TGACG-motif	参与MeJA反应	2
CGTCA-motif	参与MeJA反应	2
TCA-element	参与水杨酸反应	1
MBS	MYB结合位点参与干旱诱导	1
ABRE	参与脱落酸反应	3

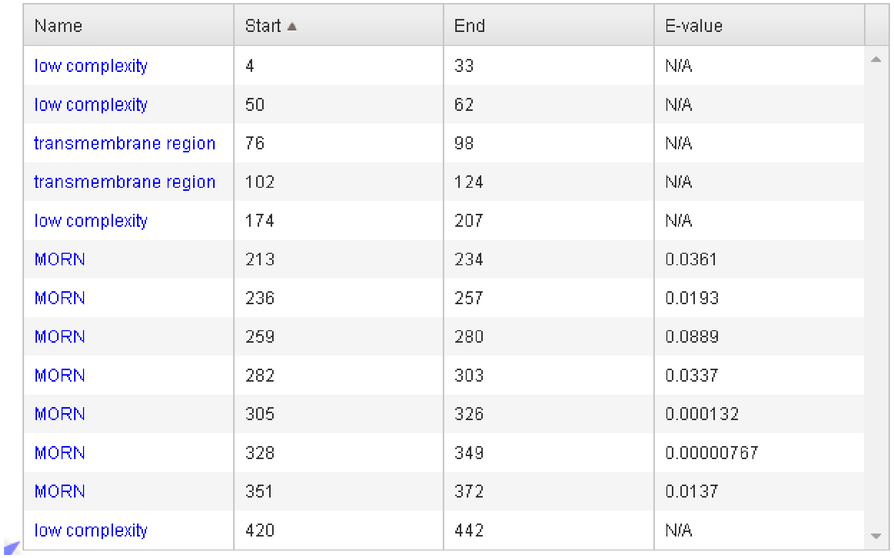
2. MRF1蛋白结构

结构域预测

SMART

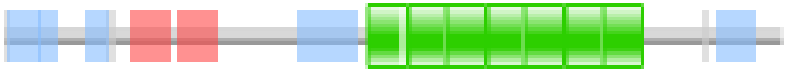


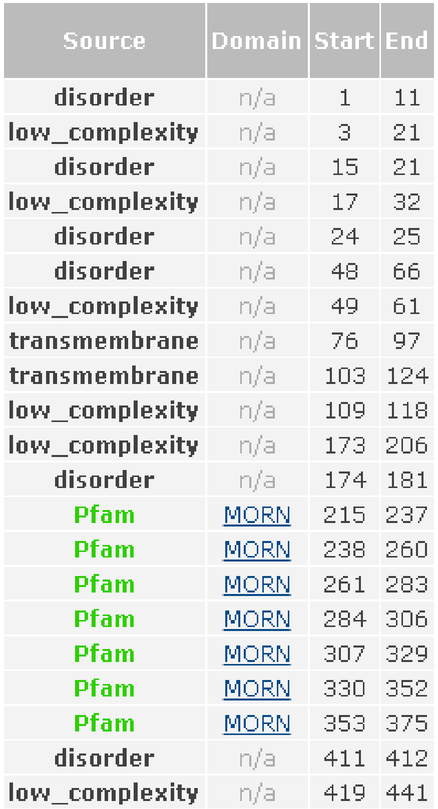
Confidently predicted domains, repeats, motifs and features:



Name	Start ▲	End	E-value
low complexity	4	33	N/A
low complexity	50	62	N/A
transmembrane region	76	98	N/A
transmembrane region	102	124	N/A
low complexity	174	207	N/A
MORN	213	234	0.0361
MORN	236	257	0.0193
MORN	259	280	0.0889
MORN	282	303	0.0337
MORN	305	326	0.000132
MORN	328	349	0.00000767
MORN	351	372	0.0137
low complexity	420	442	N/A

Pfam



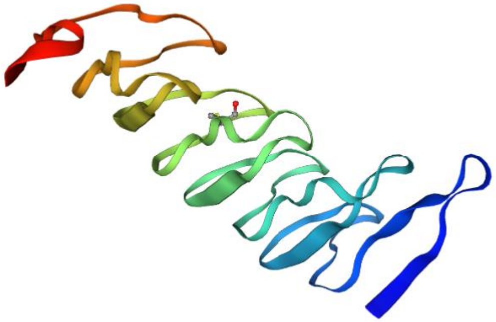


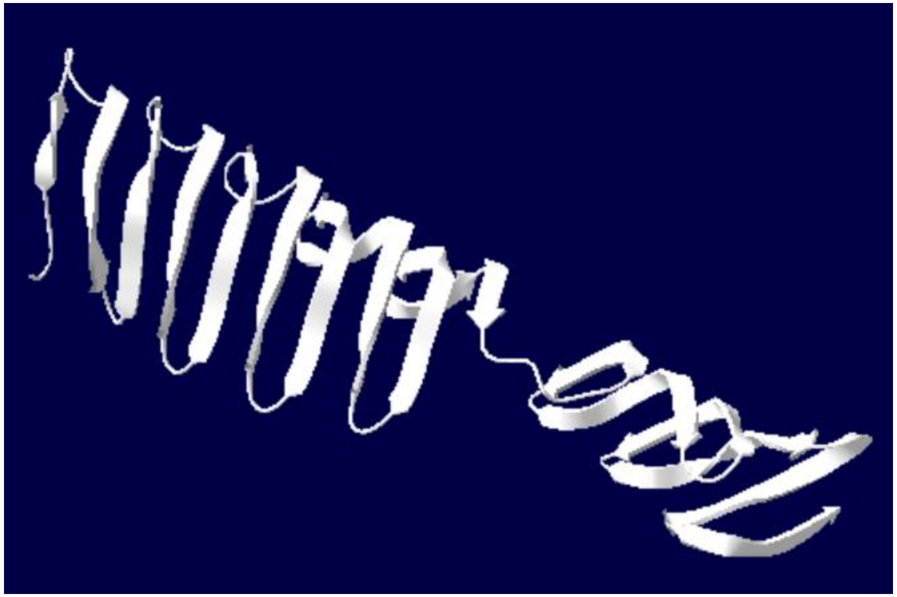
Source	Domain	Start	End
disorder	n/a	1	11
low_complexity	n/a	3	21
disorder	n/a	15	21
low_complexity	n/a	17	32
disorder	n/a	24	25
disorder	n/a	48	66
low_complexity	n/a	49	61
transmembrane	n/a	76	97
transmembrane	n/a	103	124
low_complexity	n/a	109	118
low_complexity	n/a	173	206
disorder	n/a	174	181
Pfam	MORN	215	237
Pfam	MORN	238	260
Pfam	MORN	261	283
Pfam	MORN	284	306
Pfam	MORN	307	329
Pfam	MORN	330	352
Pfam	MORN	353	375
disorder	n/a	411	412
low_complexity	n/a	419	441

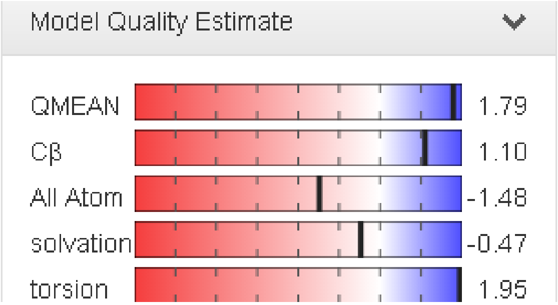
3D结构分析

Email	1503986256@163.com
Description	GmMRF1___
Date	Fri Dec 11 13:30:13 GMT 2020
Unique Job ID	fab2407a630fea6d
Sequence	MEAQKKTQTQ ... Download FASTA
Job Type	normal
Job Expiry	

SIB BIOZENTRUM
University of Basel
The Center for Molecular Life Sciences
SWISS-MODEL



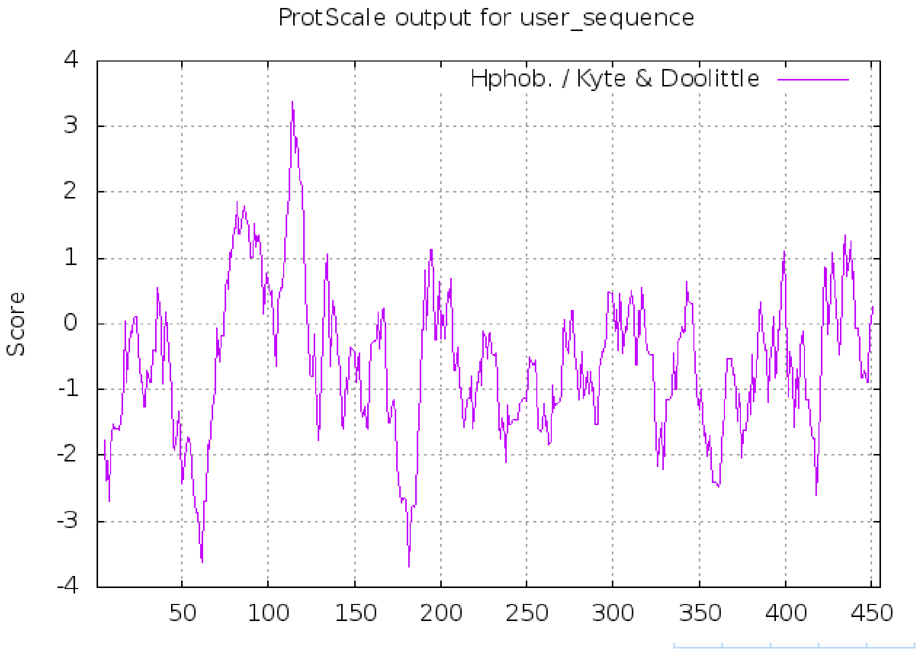




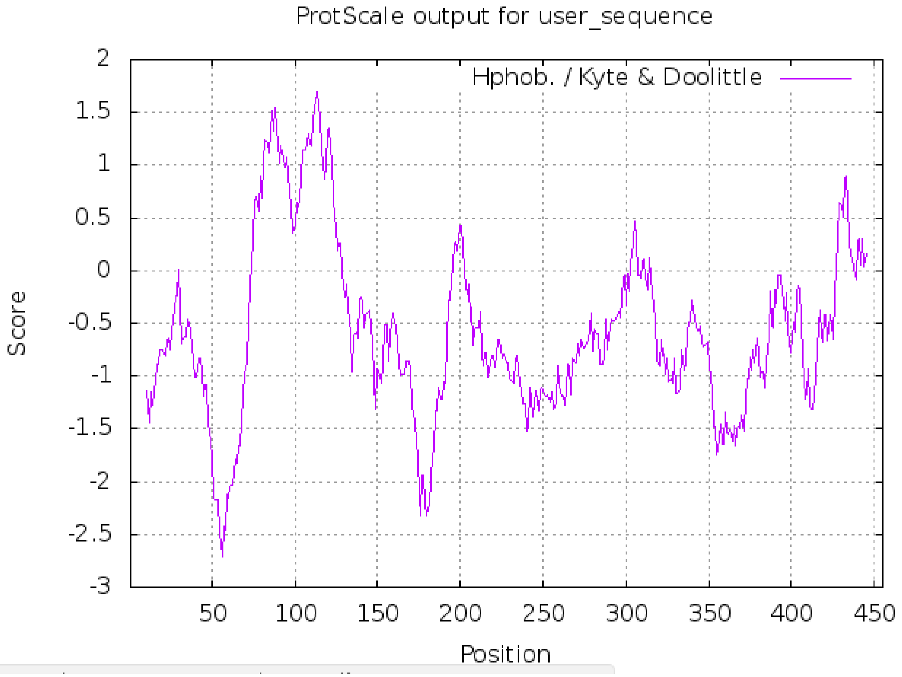
Model Quality Estimate

QMEAN	1.79
Cβ	1.10
All Atom	-1.48
solvation	-0.47
torsion	1.95

二级结构为贝塔折叠，共两个亚基

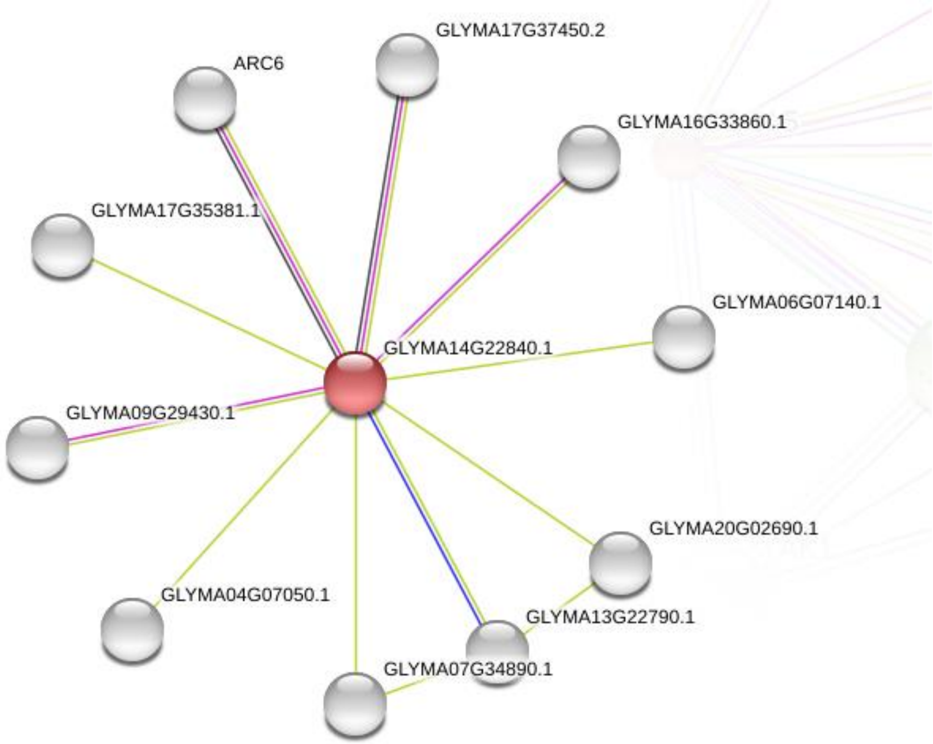


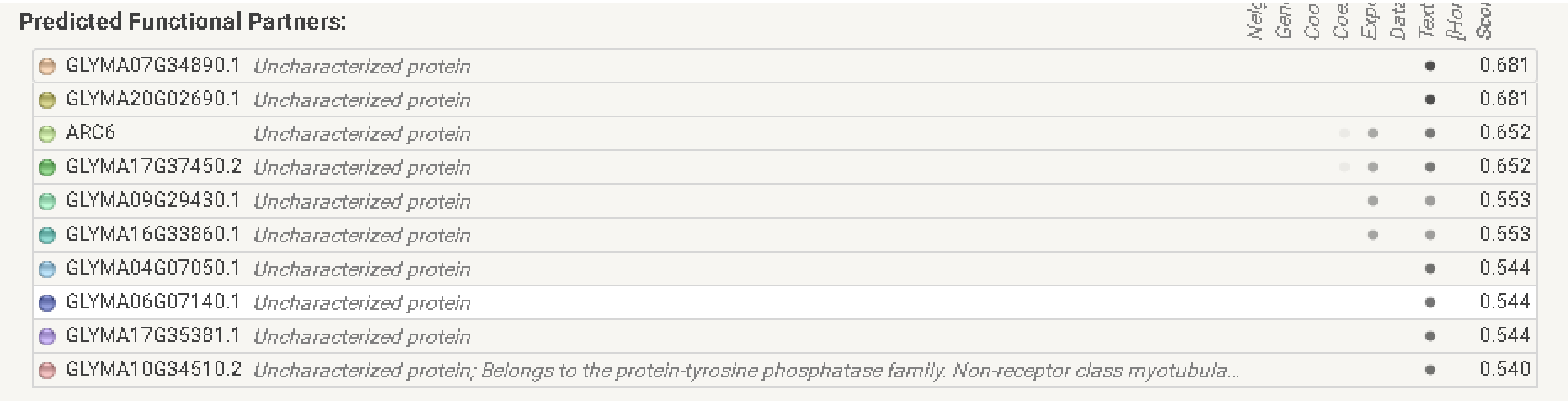
Window size: 9



Window size: 21

4. MRF1互作蛋白预测





Predicted Functional Partners:

			Neig	Gen	Coo	Coe	Exp	Data	Text	[Hor	Scor
●	GLYMA07G34890.1	*Uncharacterized protein*							●		0.681
●	GLYMA20G02690.1	*Uncharacterized protein*							●		0.681
●	ARC6	*Uncharacterized protein*				●	●		●		0.652
●	GLYMA17G37450.2	*Uncharacterized protein*				●	●		●		0.652
●	GLYMA09G29430.1	*Uncharacterized protein*					●		●		0.553
●	GLYMA16G33860.1	*Uncharacterized protein*					●		●		0.553
●	GLYMA04G07050.1	*Uncharacterized protein*							●		0.544
●	GLYMA06G07140.1	*Uncharacterized protein*							●		0.544
●	GLYMA17G35381.1	*Uncharacterized protein*							●		0.544
●	GLYMA10G34510.2	*Uncharacterized protein; Belongs to the protein-tyrosine phosphatase family. Non-receptor class myotubula...*							●		0.540

参考文献

[1] 查霆，钟宣伯，周启政，等. 我国大豆产业发展现状及振兴策略［J］. 大豆科学，2018，37(3) : 458.

[2] Fornara F , Montaigu A D , Coupland G . SnapShot: Control of flowering in Arabidopsis.[J]. Cell, 2010, 141(3):550.

[3] Xu M., Xu Z., Liu B., et al. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean. BMC Plant Biology, 2013,13: 91.

[4] Wang Y., Gu Y., Gao H., et al. Molecular and geographic evolutionary support for the essential role of GIGANTEAa in soybean domestication of flowering time. BMC Evolutionary Biology, 2016, 16:79.

[5] You Y , Sawikowska A , Lee J E , et al. Phloem companion cell-specific transcriptomic and epigenomic analyses identify *MRF1*, a novel regulator of flowering[J]. The Plant Cell, 2019.