

水稻抽穗相关基因Hd1的全局分析

组员：
G02A周子琪
G02B张寅辉
G02C于硕
G02D陆鲸冰

目录：

PART 01

H d 1 背景介绍

PART 02


序列比对结果分析

PART 03

蛋白结构分析

PART 04

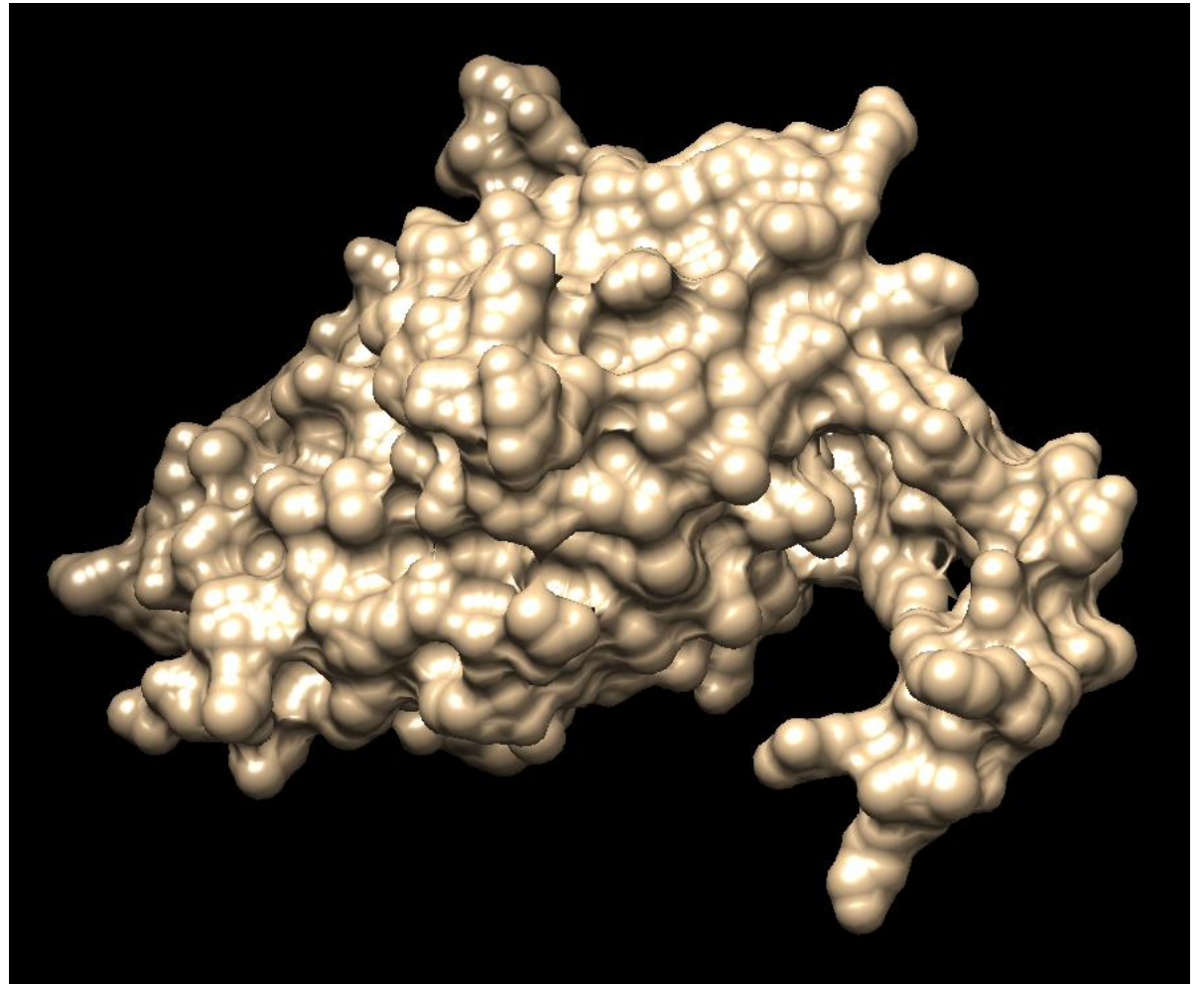
讨论与思考



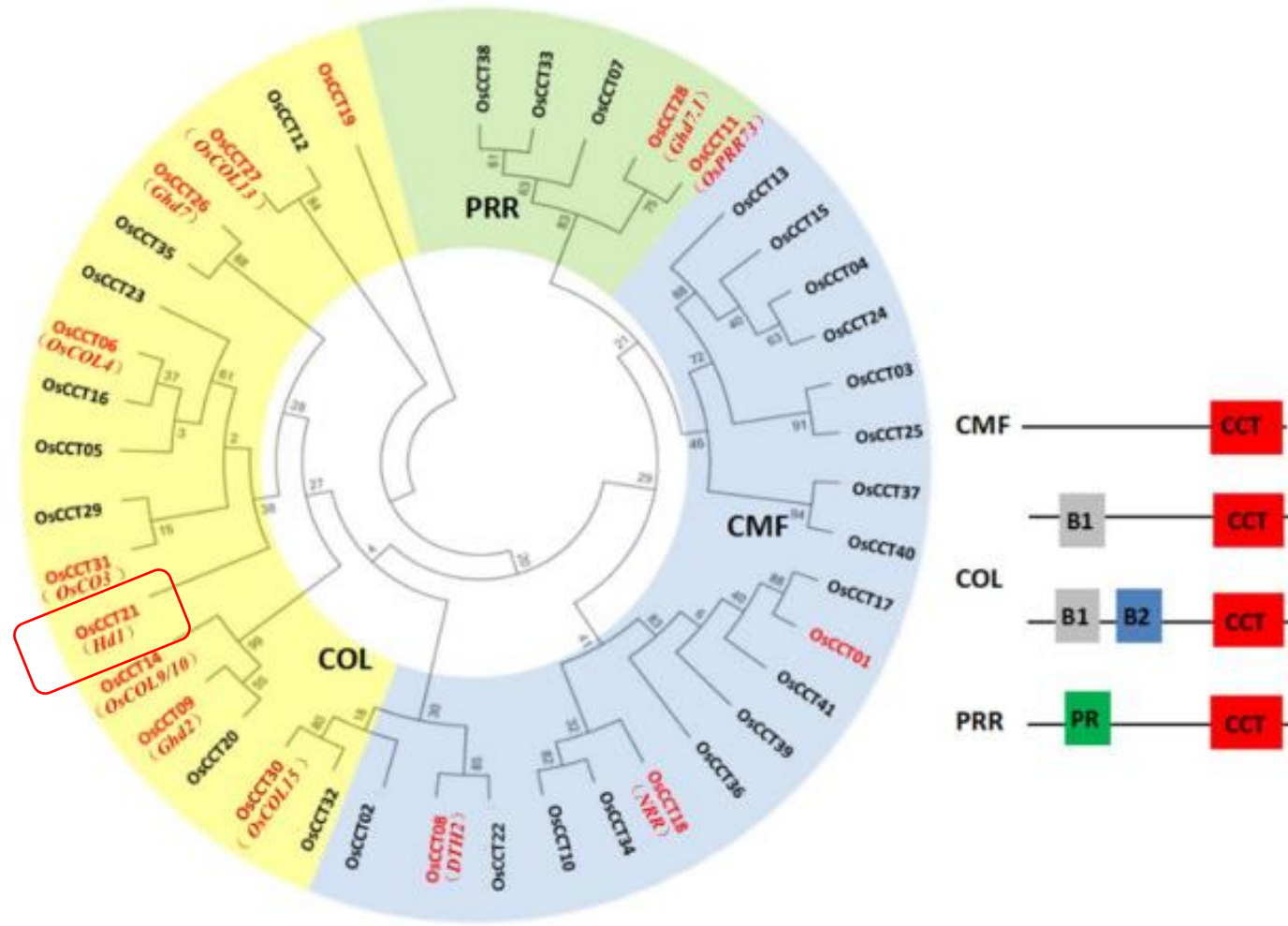
1

Hd1背景介绍

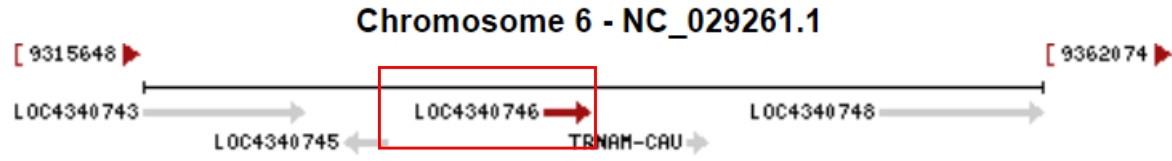
CCT 基因在不同物种的光周期介导开花调控途径中都发挥着关键作用。



CCT结构域模型



CCT基因家族包含三个亚家族





2

序列比对结果分析

Length: 2991
Identity: 1334/2991 (44.6%)
Similarity: 1334/2991 (44.6%)
Gaps: 800/2991 (26.7%)
Score: 5579.0

Length: 407
Identity: 163/407 (40.0%)
Similarity: 261/407 (64.1%)
Gaps: 54/407 (13.3%)
Score: 756.5

Length: 43
Identity: 36/43 (83.7%)
Similarity: 41/43 (95.3%)
Gaps: 0/43 (0.0%)
Score: 206.0

核酸比对结果

蛋白质比对结果

CCT蛋白结构域的比对结果

可以清晰看到，氨基酸序列相似性高于DNA，并且大部分都是由于CCT蛋白结构域贡献。

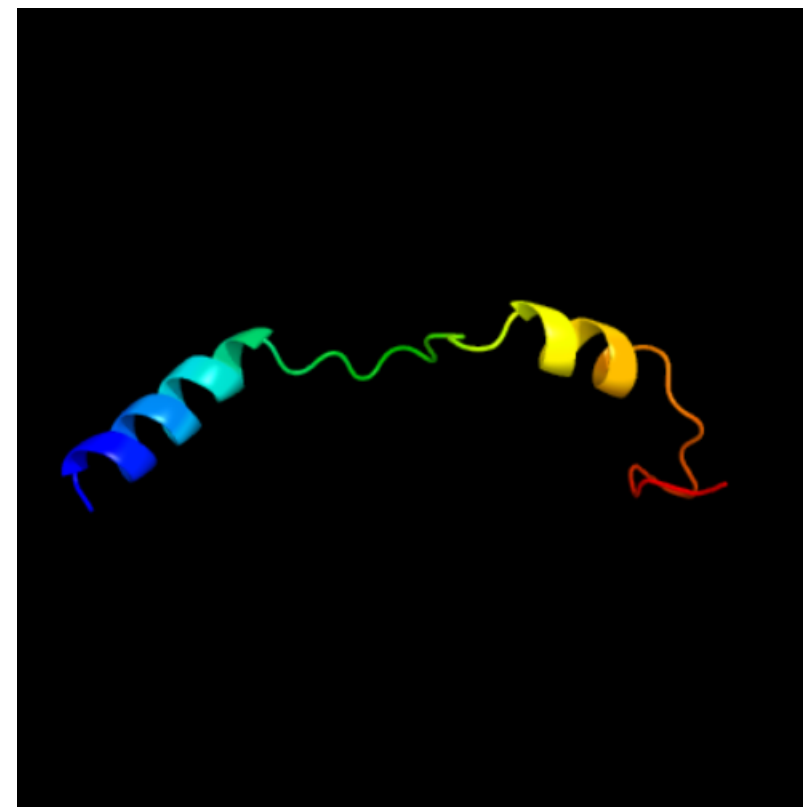
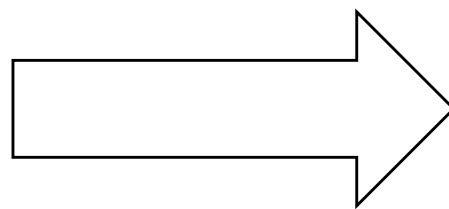


3

蛋白结构分析

Hd1结构预测 (Phyre2)

CCT结构预测 (Phyre2)



```

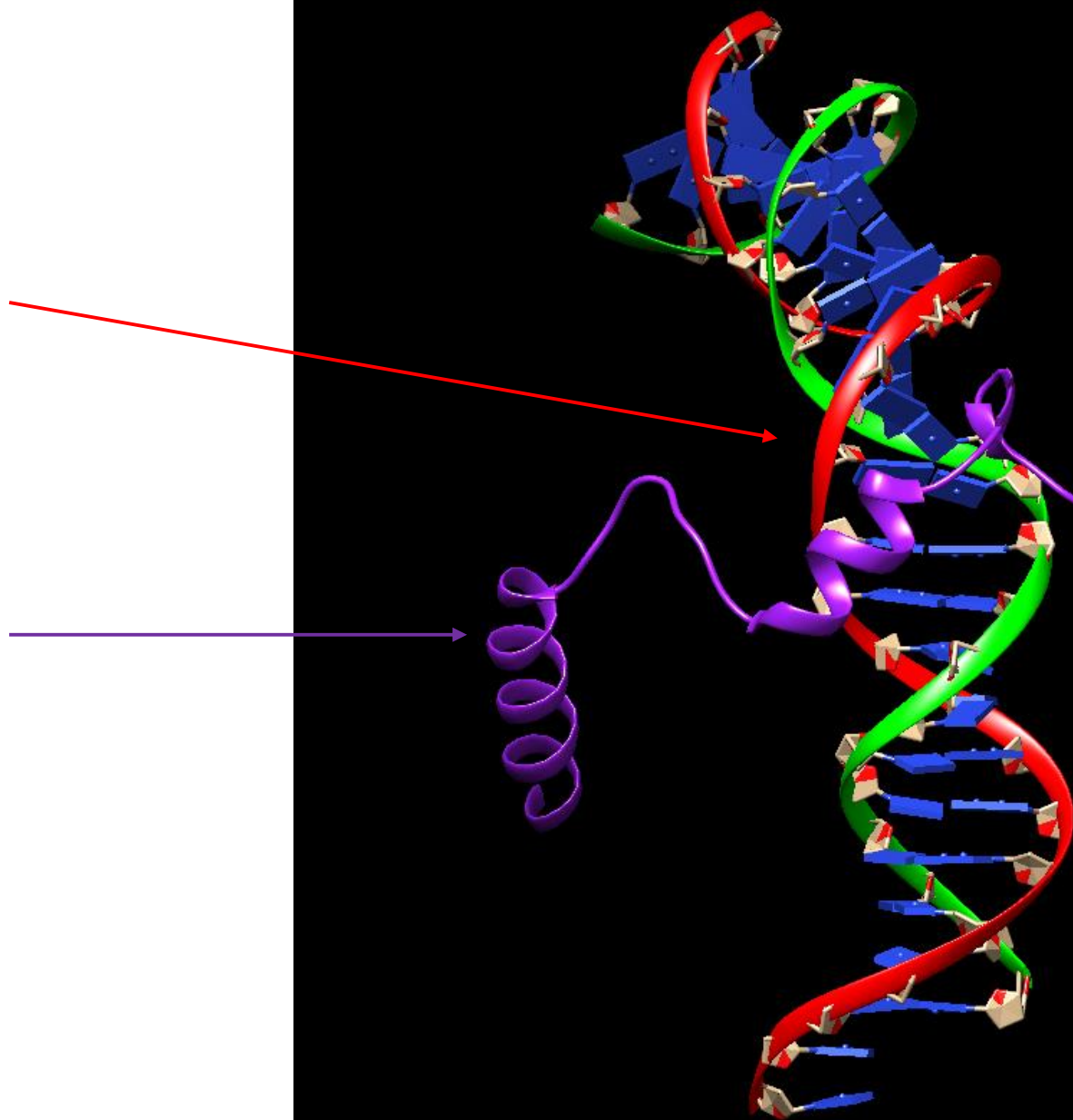
consensus/100%
consensus/90%
consensus/80%
consensus/70%
.....Y.....
R..th.+ah.K+ptR.atKpl+YtsRK..Apt+.Rh+GpPhp.
Rtttl.+a+tK+ppR.apKpl+YtsRKhhA-pR.Rh+GpPs+.
Rpttl.+a+pKRcpRlpKpRYtsRKthA-pRsRl+G+Ps+.

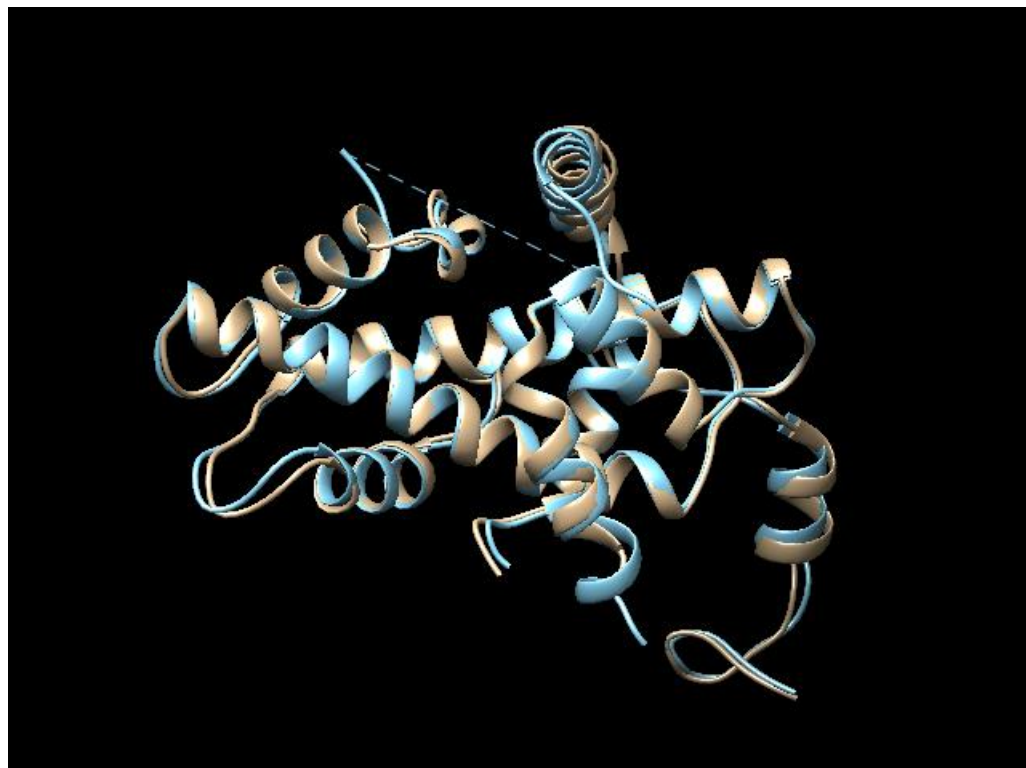
```

精氨酸、赖氨酸的保守程度很高，即CCT结构域的功能十分依赖碱性氨基酸。

DNA双链外侧有大量磷酸基团，具有酸性，带负电。

CCT结构域中碱性氨基酸R基有碱性，带正电。





CO和Hd1的CCT结构域3D结构对比结果

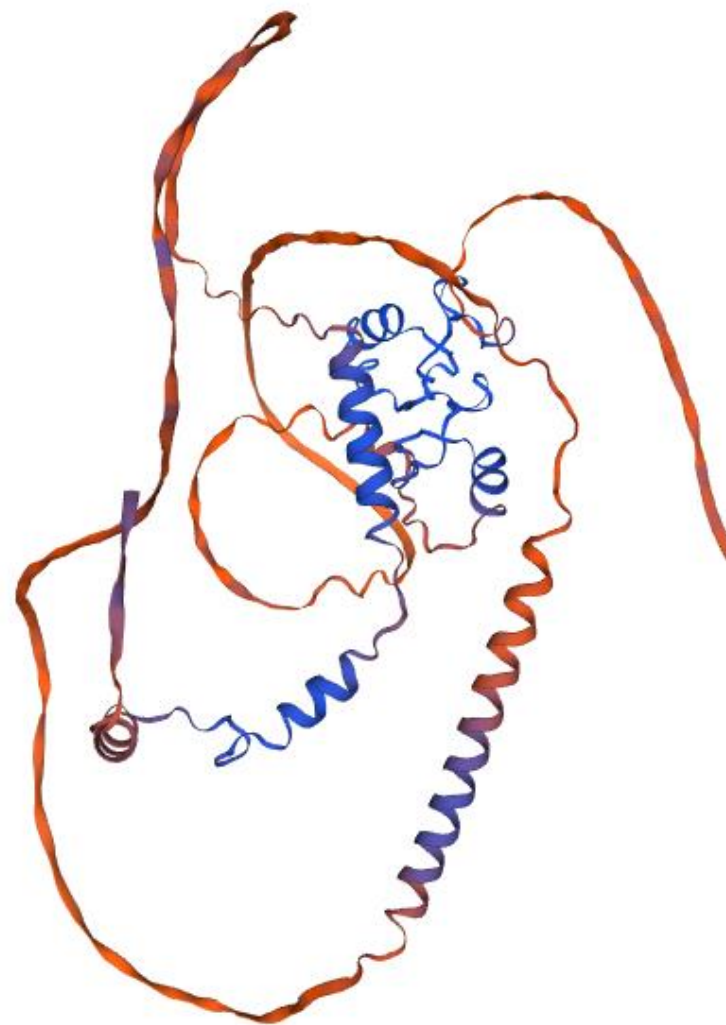


4

讨论与思考

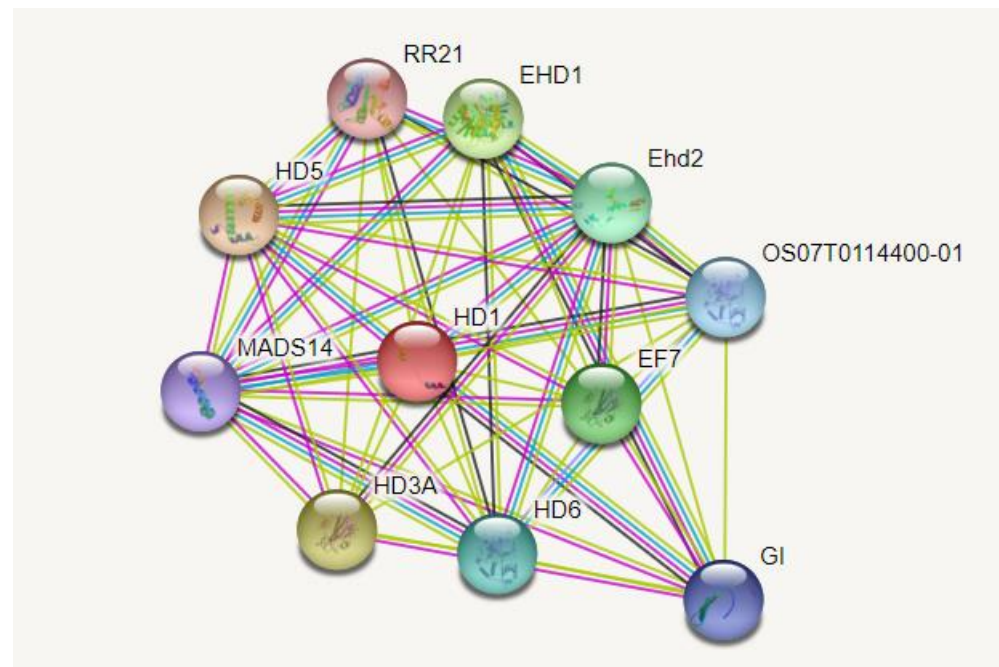
1. CCT结构不能作为Hd1和CO同源性的证据
2. 锌指结构具有结合DNA分子并且相互作用的能力
3. Hd1可能存在识别并结合CCT结构域的基团

Hd1的全序列预测结果难以得到有用信息
无法获取锌指结构3D结构。



AlphaFold全序列预测结果

与Hd1互作的基因过多，可能很多是连锁效应。



THANKS