

水稻MOC1基因序列与功能分析

Sequence and function analysis of rice moc1 gene

作物科学研究所

2021级硕士二班

汇报人：方荣民

llwwfrm@126.com

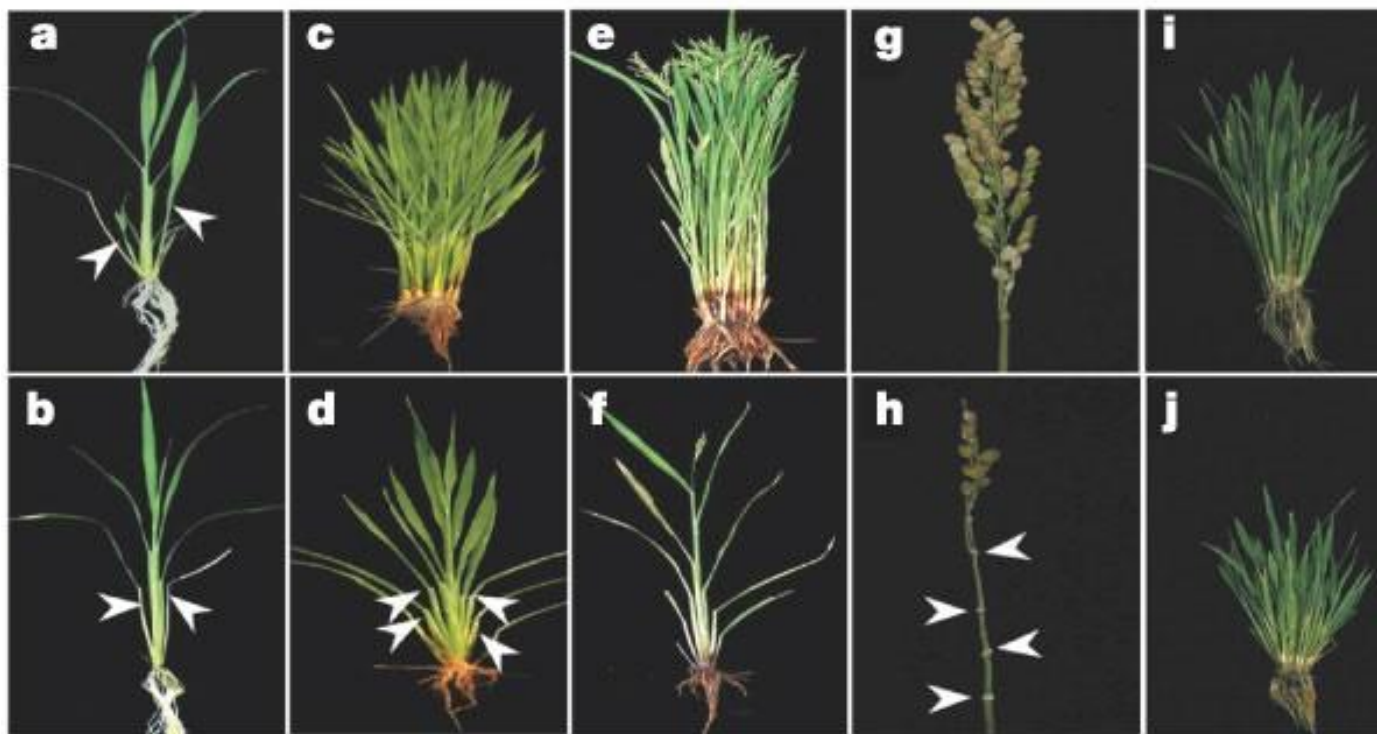
2022年01月23日

小组成员

编号	姓名	研究所	导师	研究方向
G06A	王世壮	作科所	乔卫华	野生稻种质资源利用
G06B	陈向前	作科所	姜奇彦	种质资源抗逆性评价
G06C	方荣民	作科所	郭会君	小麦诱变育种
G06D	骆箫剑	作科所	刘章雄	大豆种质资源创新

一. 背景介绍

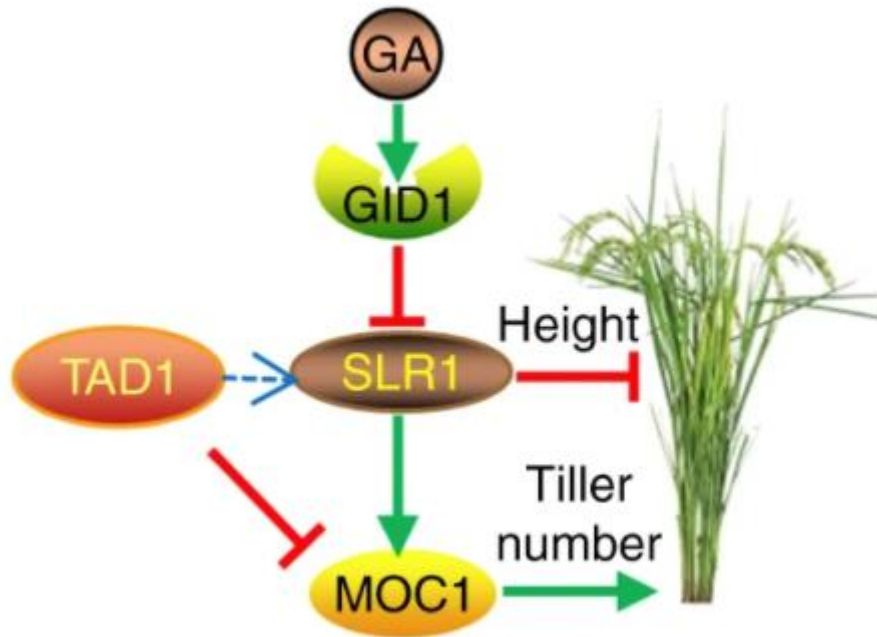
1. 一枝独秀



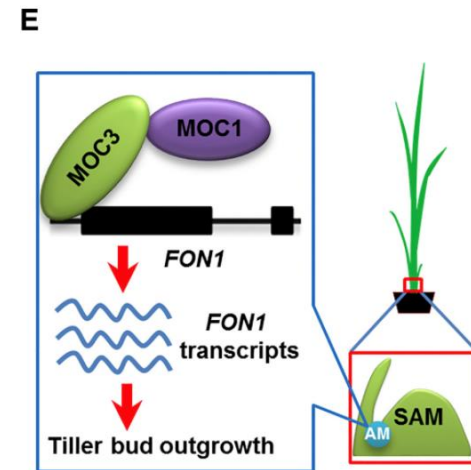
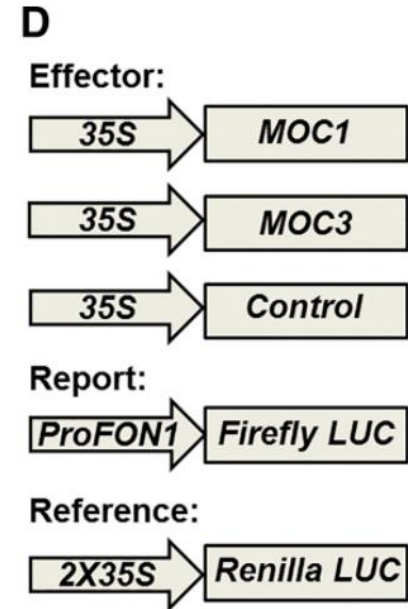
MOC1在叶腋分生组织和腋芽的形成中发挥重要作用，还促进腋芽的向外生长。

(Xueyong Li, 2003)

2. 分子机制



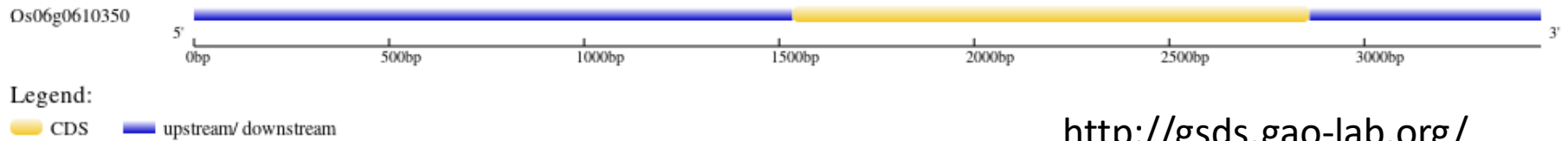
(Zhigang Liao, 2019)



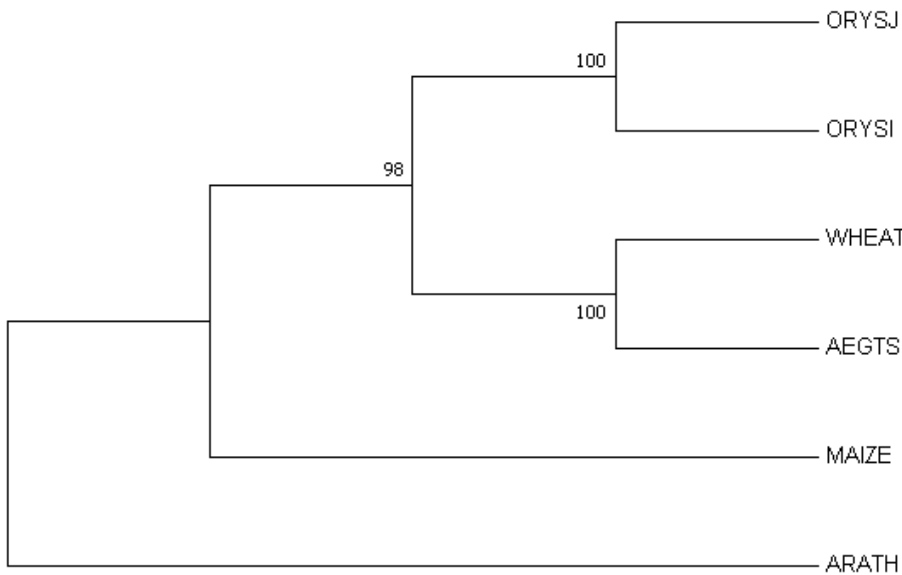
(Gaoneng Shao, 2019)

二. 研究内容

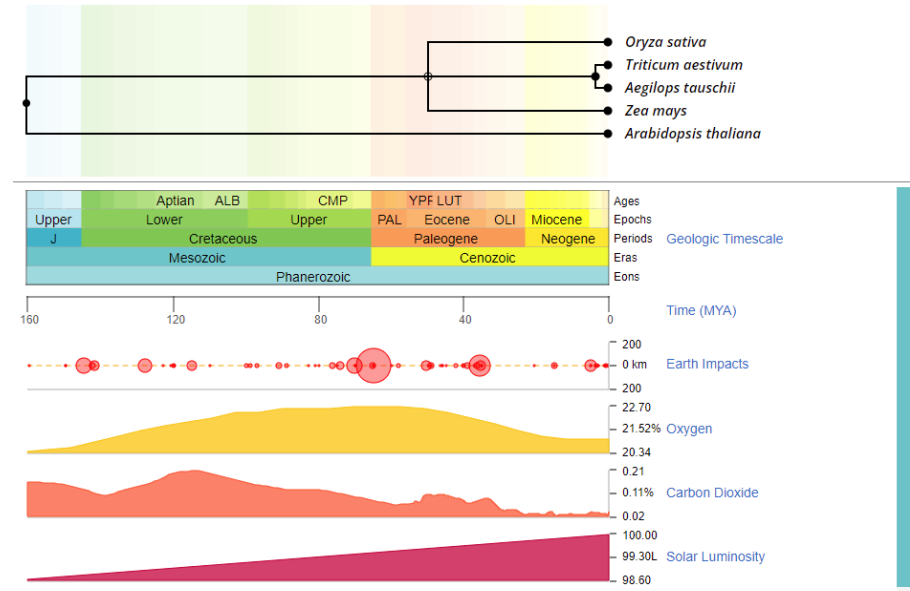
1.DNA序列分析



<http://gsds.gao-lab.org/>



<https://www.megasoftware.net/>

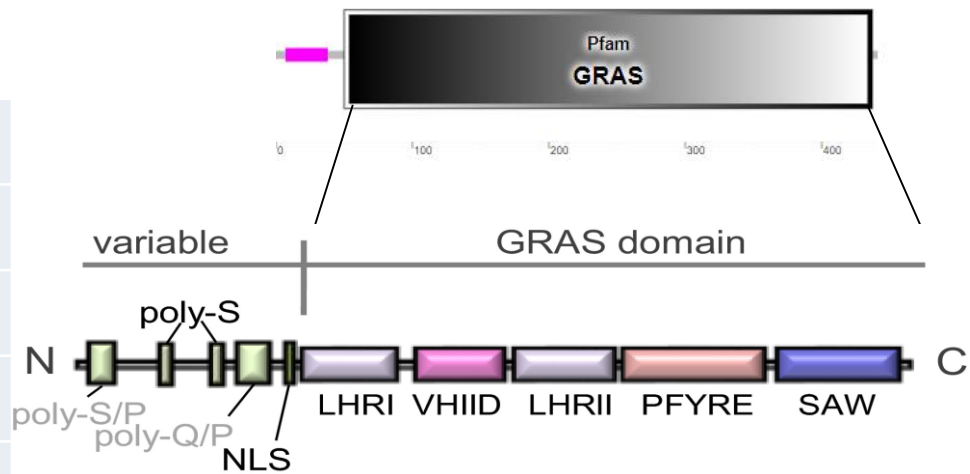


<http://www.timetree.org/>

2.蛋白质序列分析

序列结构与理化性质

氨基酸数目	441
摩尔质量	45749.61
等电点	6.79
酸性氨基酸	42
碱性氨基酸	40
脂肪指数	88.98
平均疏水指数	0.019
不稳定性	48.01

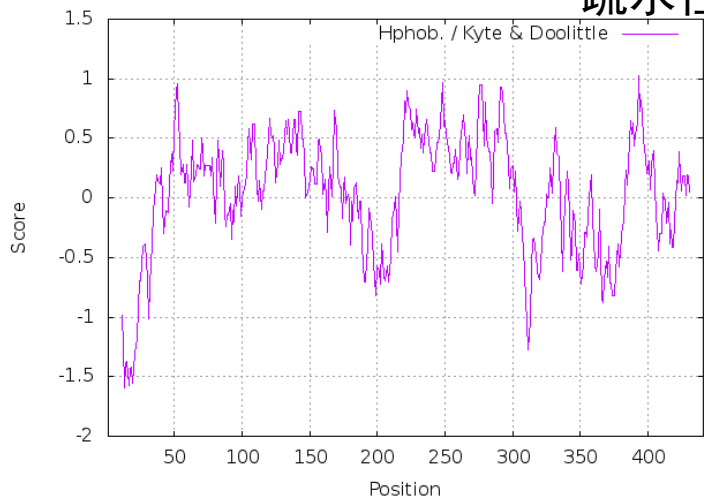


<https://web.expasy.org/protparam/>

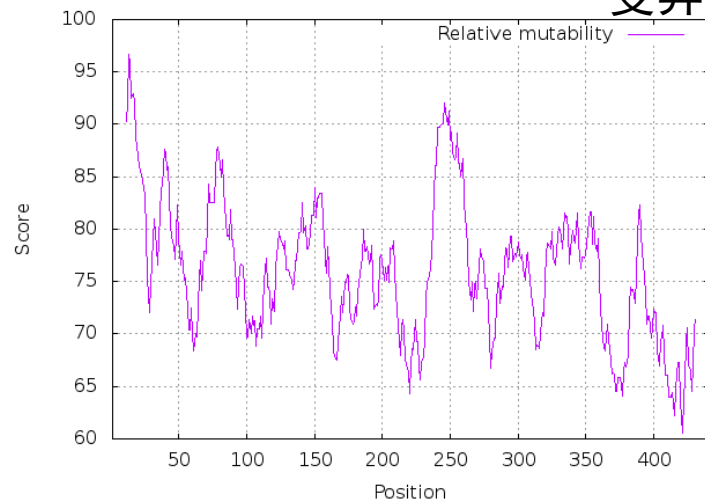
<http://smart.embl.de/>
(Toshio Hakoshima, 2019)

理化性质

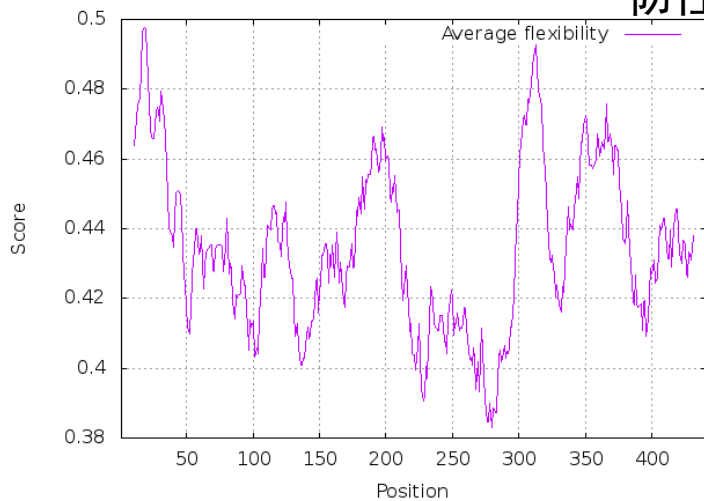
ProtScale output for user_sequence **疏水性**



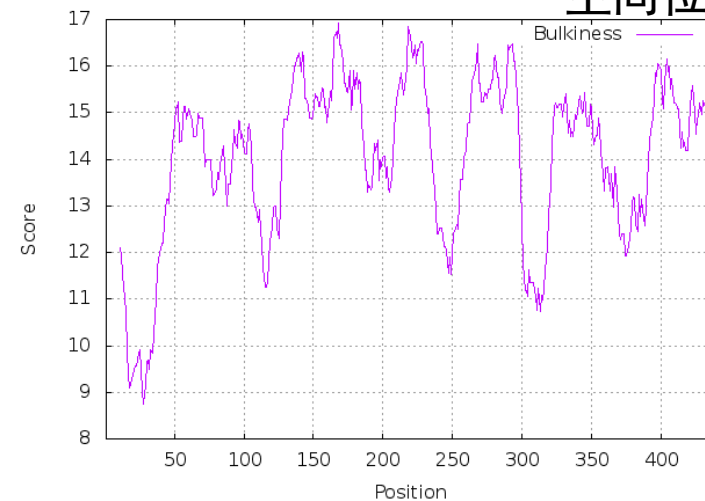
ProtScale output for user_sequence **变异性**



ProtScale output for user_sequence **韧性**



ProtScale output for user_sequence **空间位阻**

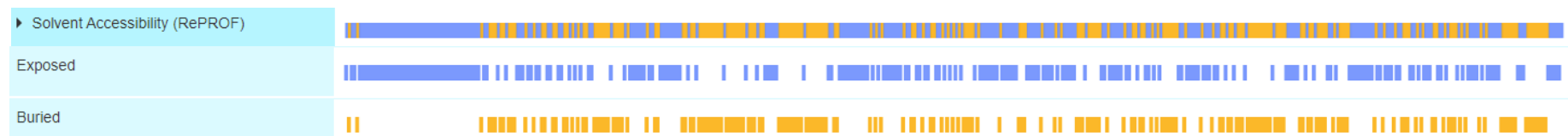


<https://web.expasy.org/protscale/>

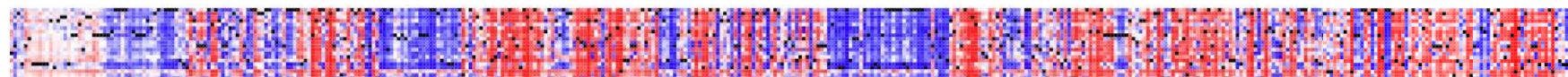
序列可视化分析



二级结构预测



溶液可及性



-100 0 100

点突变效应

偏好性

#Coding GC 75.49%
 #1st letter GC 75.11%
 #2nd letter GC 56.33%
 #3rd letter GC 95.02%

#Codon	AA	Fraction	Number
GAC	D	0.857	18
GAT	D	0.143	3
GAA	E	0.048	1
GAG	E	0.952	20

#Codon	AA	Fraction	Number
AGA	R	0	0
AGG	R	0.083	3
CGA	R	0.028	1
CGC	R	0.444	16
CGG	R	0.389	14
CGT	R	0.056	2
CAC	H	0.941	16
CAT	H	0.059	1
AAA	K	0	0
AAG	K	1	4

#Codon	AA	Fraction	Number
CTA	L	0	0
CTC	L	0.511	24
CTG	L	0.404	19
CTT	L	0	0
TTA	L	0	0
TTG	L	0.085	4
#Codon	AA	Fraction	Number
TTC	F	0.929	13
TTT	F	0.071	1
TGG	W	1	7
TAC	Y	1	5
TAT	Y	0	0

酸性氨基酸

Start	End	摩尔质量	C端	N端
1	3	418.555	.	S
4	21	1782.77	R	N
22	41	1743.724	K	A
42	51	914.029	R	D
52	63	1343.604	R	G
64	71	854.964	R	A
72	84	1239.437	R	G
85	97	1462.588	R	A
98	102	542.679	R	V
103	106	431.489	R	A
107	157	5184.858	K	V
158	181	2691.128	R	A
182	192	1121.258	R	V
193	200	745.79	R	D

碱性氨基酸

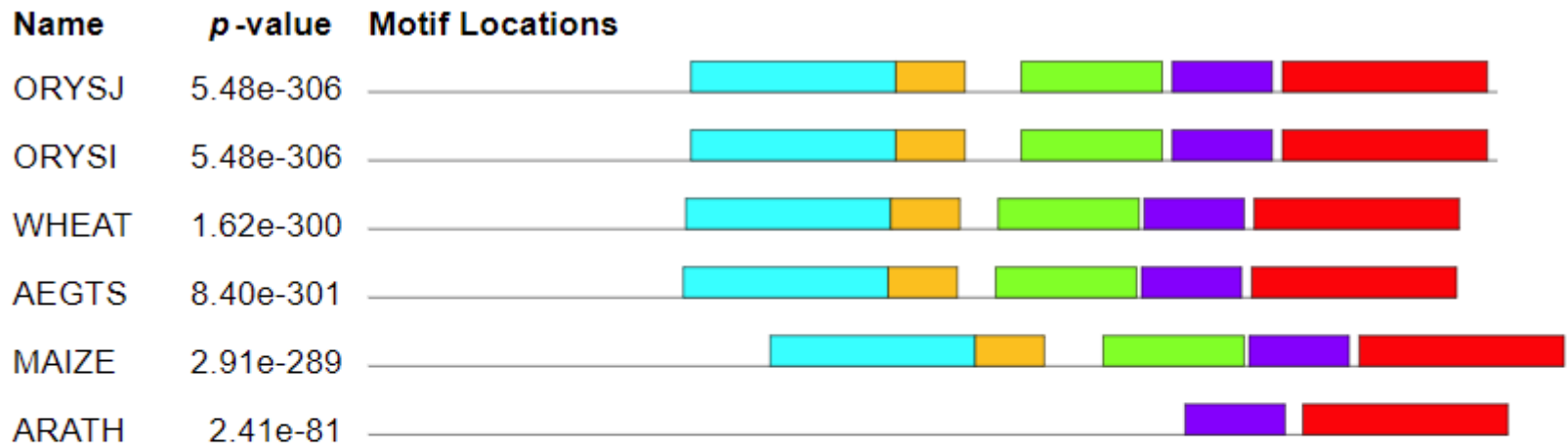
Start	End	摩尔质量	C端	N端
201	205	616.715	R	T
206	211	715.81	R	A
212	215	463.537	R	S
216	288	7478.502	R	W
289	291	431.535	K	A
292	303	1244.472	K	E
304	321	1735.79	R	V
322	345	2503.812	R	E
346	357	1398.582	R	E
358	369	1142.234	R	W
370	372	546.629	R	G
373	376	473.53	R	W
377	382	616.677	R	A
383	418	3930.528	R	G
419	441	2478.808	R	.

亮氨酸与芳香族氨基酸

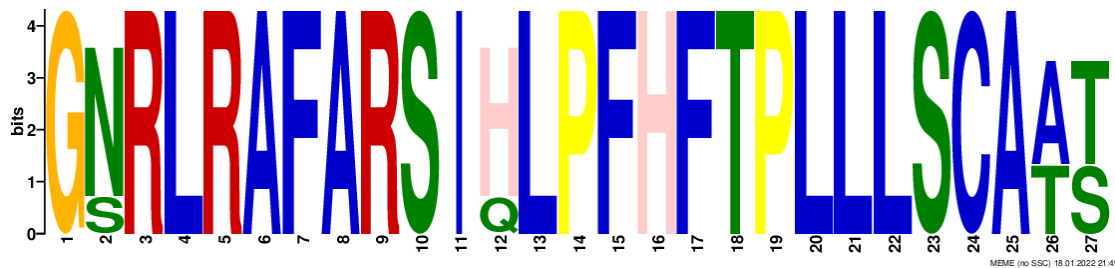
胰蛋白酶酶切位点

<https://www.bioinformatics.nl/emboss-explorer/>

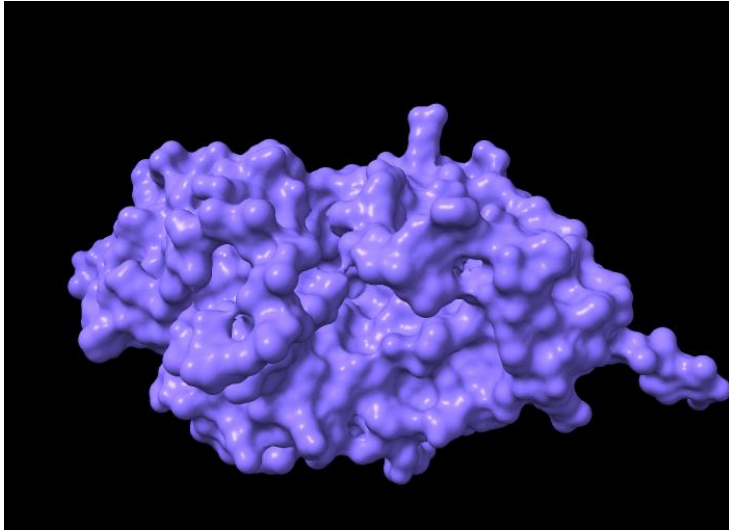
Motif预测



Motif	Symbol	Motif Consensus
1.		EIEAAVGPSPGRRWWRGLERWGGAAARGAGFAARPLSAFAVVSQARLLLRLHYPSEG YLVQEARGACFLGWQTRP LLSVSAWQ
2.		YLAFNQIAPFLRF AHLTANQATILEAVEGARRVHILD L DAAHG VQW PFL LQAI AERADPALGPPEVRITGAGADRDTLLRT
3.		TGLELHPDET LAVNCVMFLHKLGGHDELA AFLKWKV KAMAPAVVTIAEREAGGGGI
4.		IDDLPRRVGVAMDHYS AVFEALEATVPPGSRERLAVEQE
5.		GNRLRAFARS IHLPFHFTPLLLSCAAT



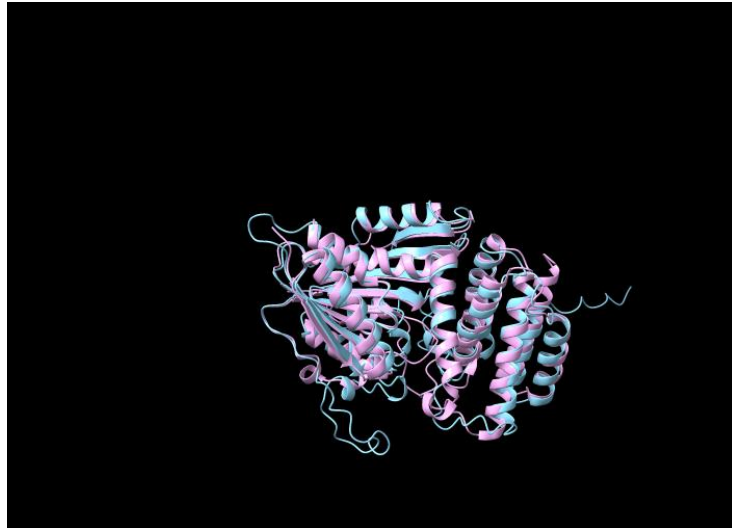
3.三维结构预测



分子表面



通过两种不同预测软件预测的结构



两种不同的基因的GRAS蛋白比较

<https://www.cgl.ucsf.edu/chimera/>

<https://github.com/deepmind/alphafold>

<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~phyre2>

位点分析



<https://www.cgl.ucsf.edu/chimera/>

<https://github.com/deepmind/alphafold>

三. 结论

MOC1主要编码一个定位在核内的GRAS家族蛋白

对于蛋白质结构预测的分析印证了前人对于MOC1的分子机理研究

MOC1可能与转录调节相关

MOC1产生的GRAS蛋白有非常强的密码子偏好性

通过对短根基因SHR1的X-RAY结构图进行分析, 确定了AlphaFold预测的可靠性

四. 研究展望

多年研究表明MOC1通过与GA信号途径的DELLA蛋白SLR1结合，从而使MOC1不被降解，并且在此途径中其他调控因子如TAD1/TE和SLR1一起与MOC1相互作用，并上行抑制或促进其降解；此外，ABA信号的适度增强对于拮抗GA促进MOC1的降解也有重要影响。

前人对于MOC1基因的研究已经有了非常大的成果，但它的研究前景仍然非常广阔：

1. MOC1编码GRAS家族转录因子，但其直接靶点尚未确定，对于直接靶点的研究将使得我们更加明确MOC1的作用机制。
2. MOC1的突变体数量有很多，如*moc1-1*，对水稻分蘖有显著影响；*moc1-3*对分蘖影响不大，但导致穗枝和小穗数量减少；最新发现的MOC1突变等位基因*gnp6*（即形成突变体*moc1-6*）导致分支形成受阻。

所以在接下来的研究中对于*moc1*突变体的研究仍然有着非常巨大的空间和前景。

参考文献

- [1]Li X, Qian Q, Fu Z, Wang Y, Xiong G, Zeng D, Wang X, Liu X, Teng S, Hiroshi F, Yuan M, Luo D, Han B, Li J. Control of tillering in rice. *Nature*. 2003 Apr 10;422(6932):618-21. doi: 10.1038/nature01518. PMID: 12687001.
- [2]Liao Z, Yu H, Duan J, Yuan K, Yu C, Meng X, Kou L, Chen M, Jing Y, Liu G, Smith SM, Li J. SLR1 inhibits MOC1 degradation to coordinate tiller number and plant height in rice. *Nat Commun*. 2019 Jun 21;10(1):2738. doi: 10.1038/s41467-019-10667-2. PMID: 31227696; PMCID: PMC6588547.
- [3]Shao G, Lu Z, Xiong J, Wang B, Jing Y, Meng X, Liu G, Ma H, Liang Y, Chen F, Wang Y, Li J, Yu H. Tiller Bud Formation Regulators MOC1 and MOC3 Cooperatively Promote Tiller Bud Outgrowth by Activating FON1 Expression in Rice. *Mol Plant*. 2019 Aug 5;12(8):1090-1102. doi: 10.1016/j.molp.2019.04.008. Epub 2019 Apr 29. PMID: 31048024.
- [4]Lin Q, Zhang Z, Wu F, Feng M, Sun Y, Chen W, Cheng Z, Zhang X, Ren Y, Lei C, Zhu S, Wang J, Zhao Z, Guo X, Wang H, Wan J. The APC/C^{TE} E3 Ubiquitin Ligase Complex Mediates the Antagonistic Regulation of Root Growth and Tillering by ABA and GA. *Plant Cell*. 2020 Jun;32(6):1973-1987. doi: 10.1105/tpc.20.00101. Epub 2020 Apr 7. PMID: 32265265; PMCID: PMC7268805.
- [5] Hakoshima T. Structural basis of the specific interactions of GRAS family proteins. *FEBS Lett*. 2018 Feb;592(4):489-501. doi: 10.1002/1873-3468.12987. Epub 2018 Feb 6. PMID: 29364510; PMCID: PMC5873383.

恳请各位老师同学
批评指正！

