

# 苹果MYB10转录因子的 序列和结构分析

**Structure and sequence analysis of MYB10  
transcription factor in apple**

**汇报人：3G09B 江春阳**

小组成员：3G09A 丁成 植保所、3G09B 江春阳 果树所、3G09C 梁欢 水稻所

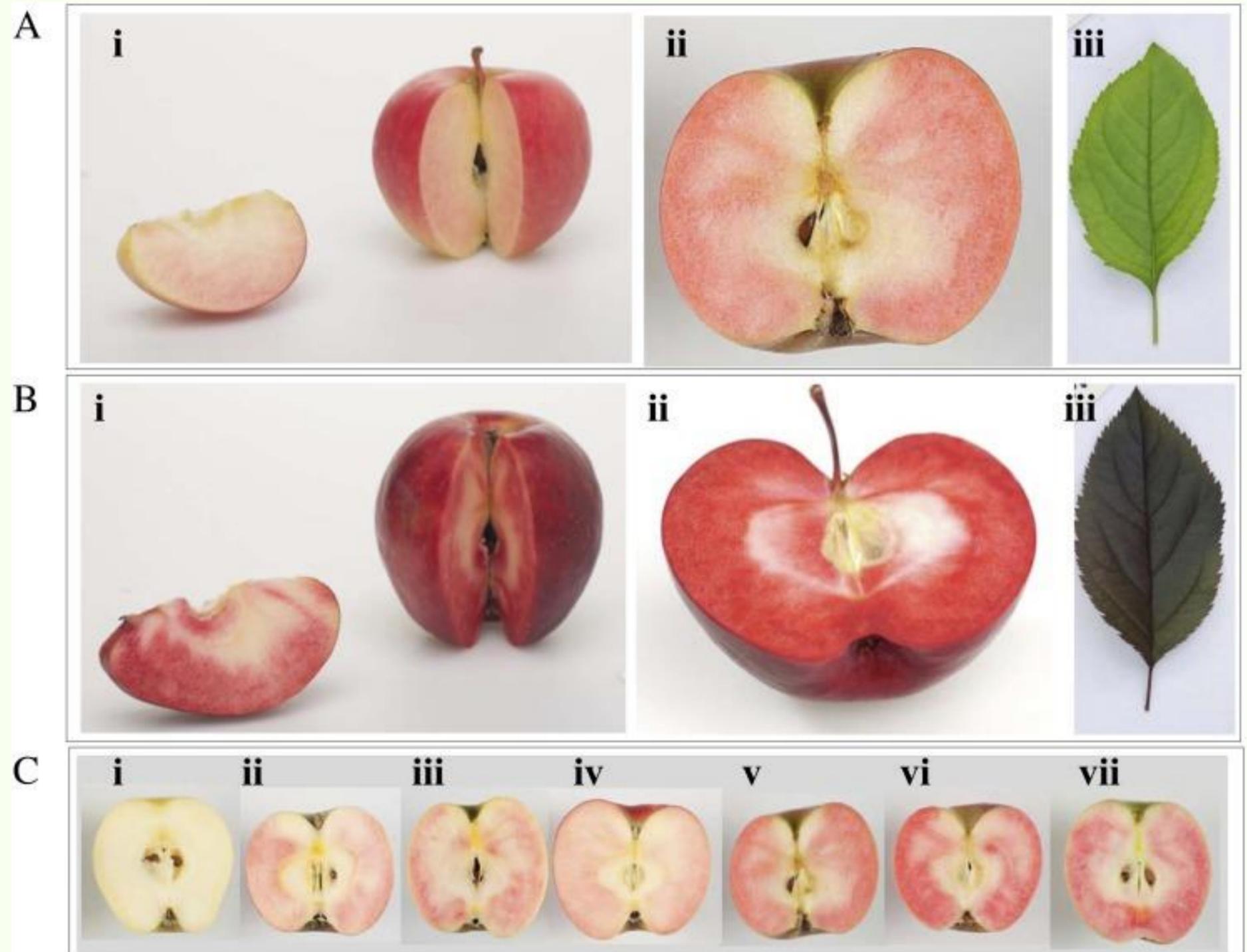
# 目录

- 背景介绍
- MYB10 序列分析
- MYB10 蛋白质结构分析
- 总结
- 工作展望

# 一、背景介绍

## 1、MYB10转录因子介绍

MYB10是从一个红叶红肉苹果品种中分离，仅在红色组织中表达。

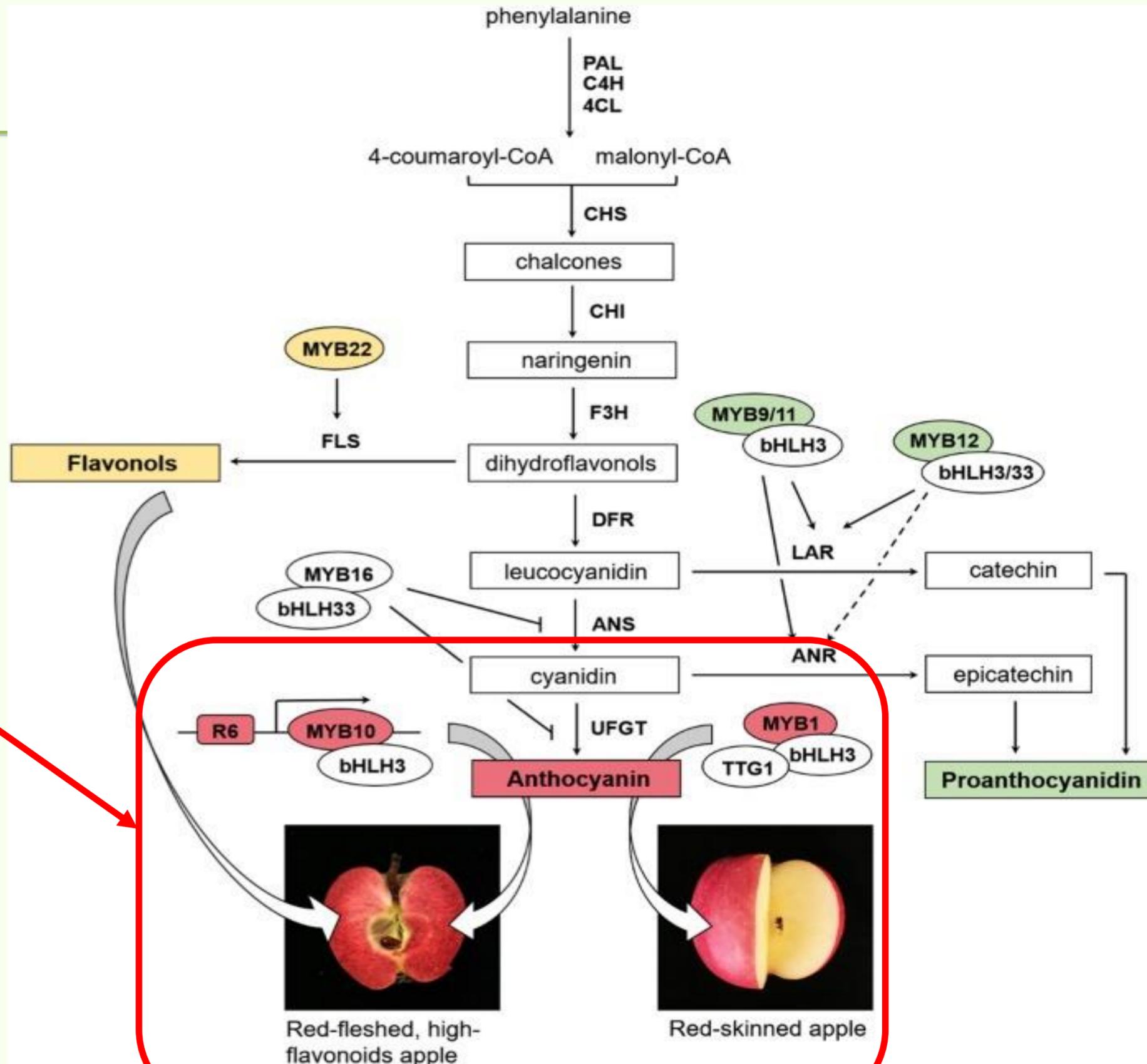


(Chagné D, et al. Plant Physiol. 2013)

# 一、背景介绍

## 1、MYB10转录因子介绍

MYB10在苹果中黄酮类生物合成过程中，激活转录，促进苹果果肉中花青素的合成与积累，促成苹果的红肉表型



(Wang N, et al. Horticulture Research. 2018)

# 一、背景介绍

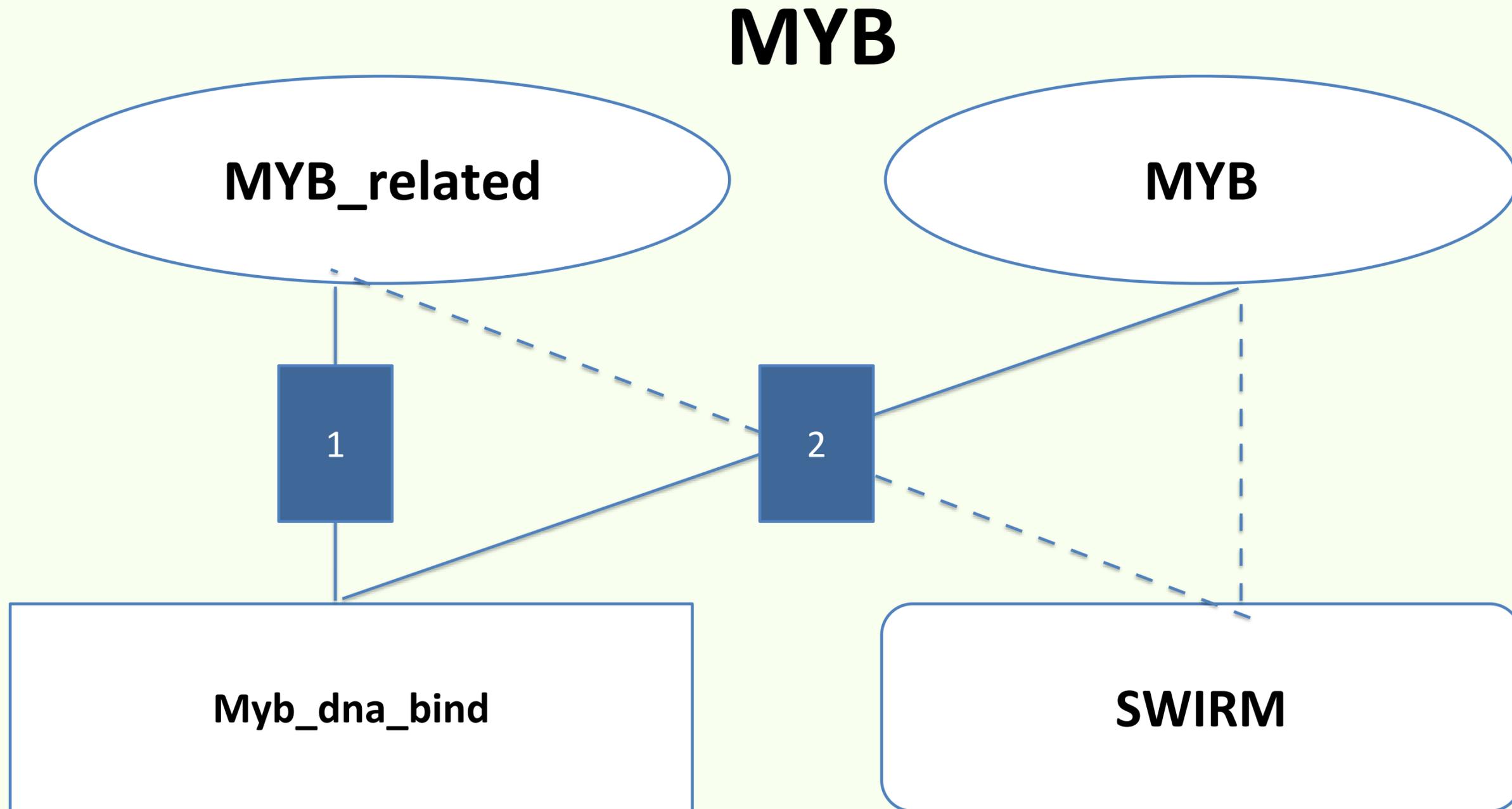
---

## 2、MYB转录因子家族简介

- 第一个鉴定的MYB基因源自禽成髓细胞瘤病毒的“癌基因”
- MYB是成髓细胞瘤myeloblastosis的缩写
- MYB家族以与 DNA 结合的高度保守的结构域为特征，根据MYB结构域数量可分为MYB和MYB-related两个亚家族

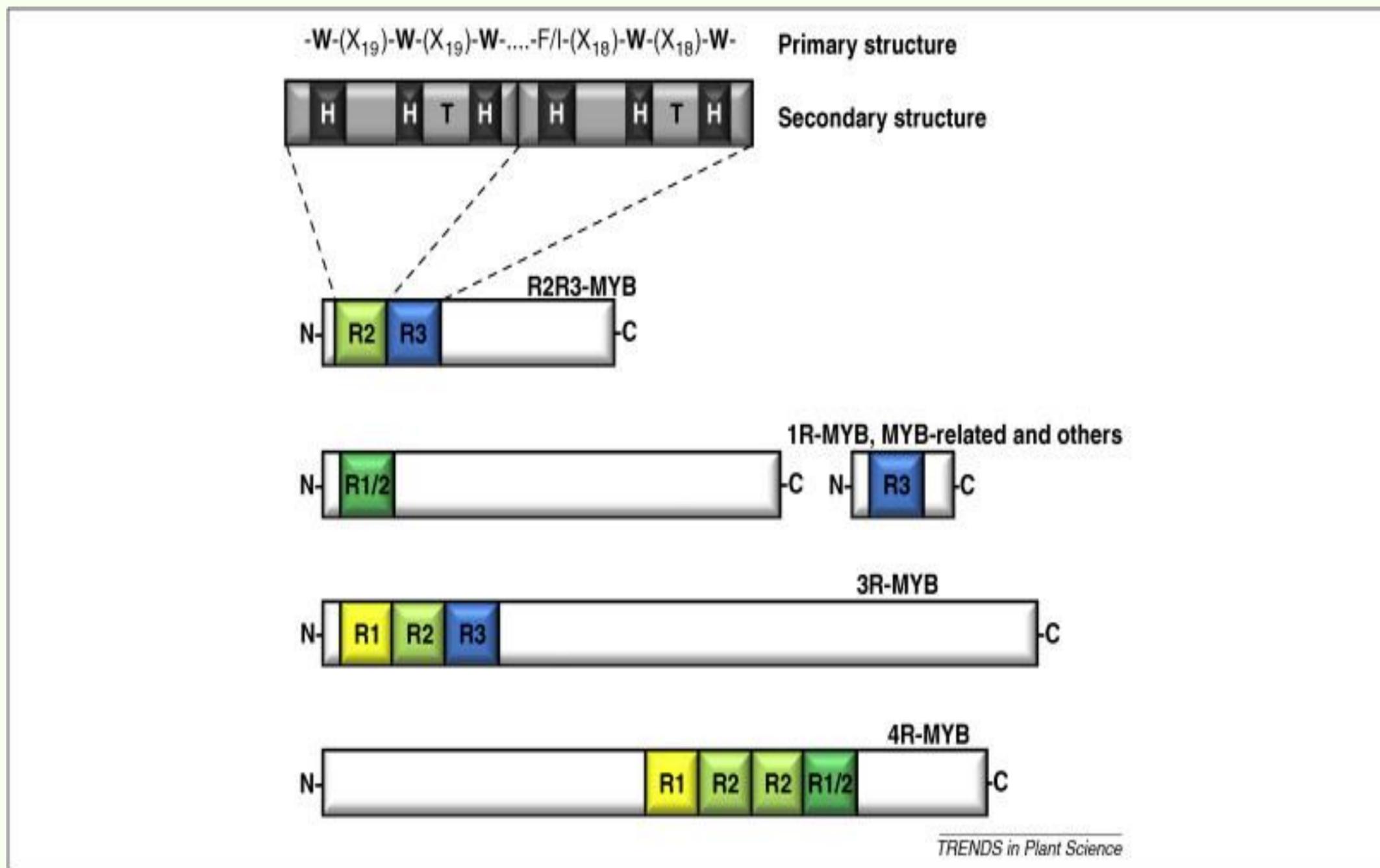
# 一、背景介绍

## 2、MYB转录因子家族简介



# 一、背景介绍

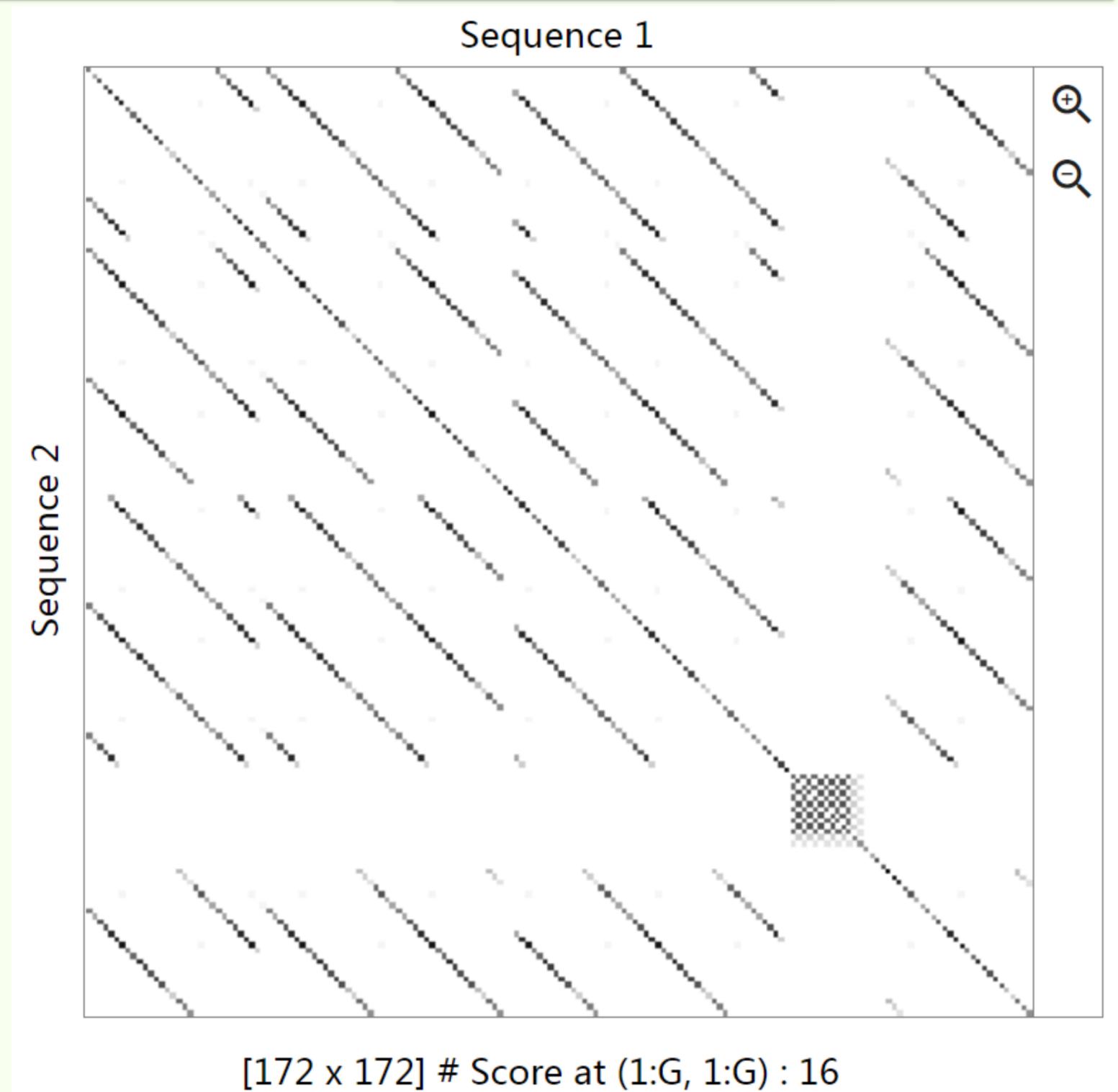
## 3、MYB结构域介绍





# 二、MYB10序列分析

## 1、启动子区 序列分析



<https://dotlet.vital-it.ch/>

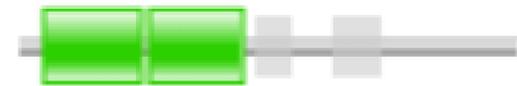
# 二、MYB10序列分析

## 2、结构域分析

在Pfam查看其结构域，可以明确这是一个具有两个MYB结构域的MYB转录因子，属于R2R3 MYB，应该被归类为MYB家族。

### Pfam domains

This image shows the arrangement of the Pfam domains that we found on this sequence. [More...](#)



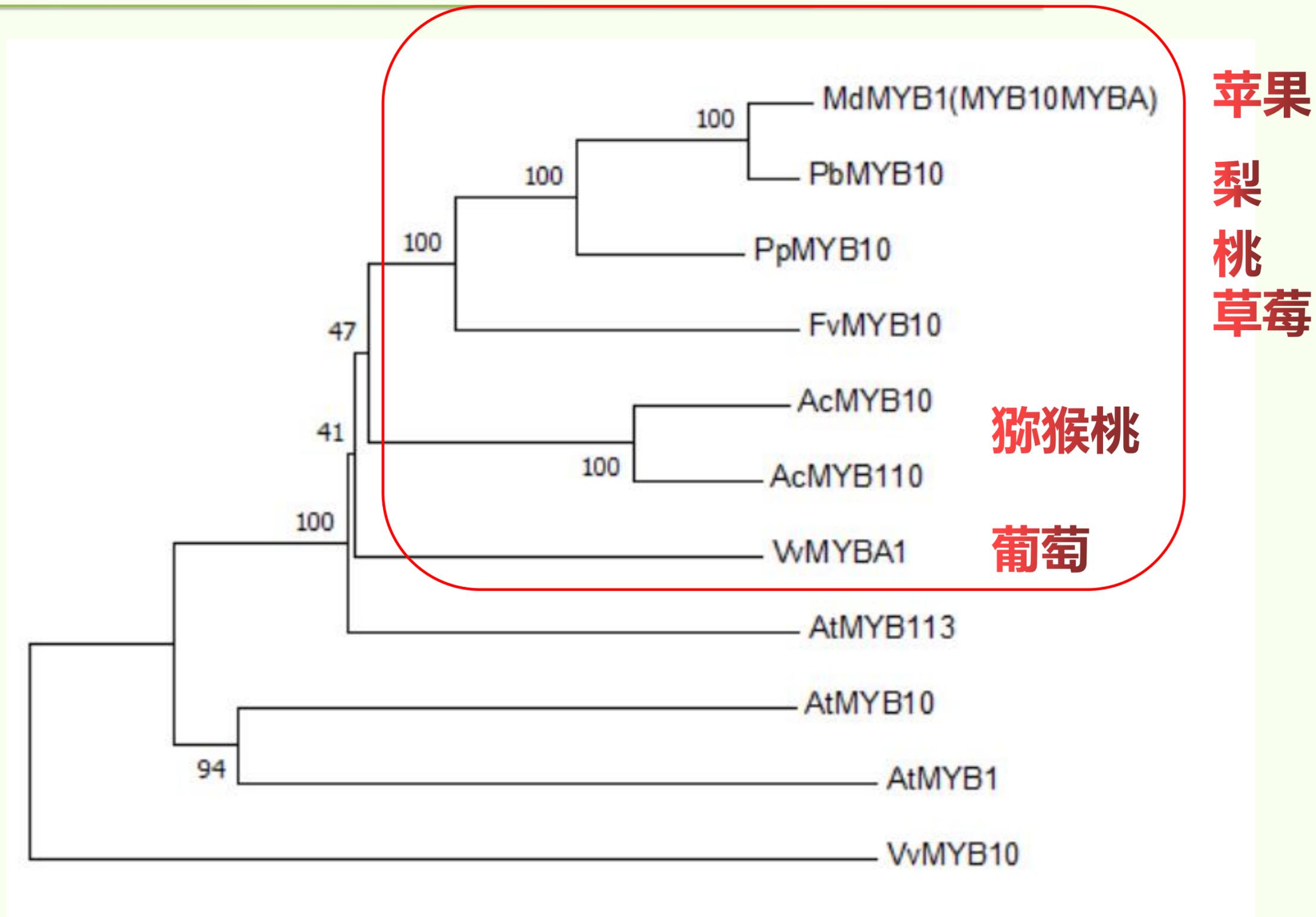
[Download](#) the data used to generate the domain graphic in JSON format.

Source	Domain	Start	End
<a href="#">Pfam</a>	<a href="#">Myb DNA-binding</a>	12	59
<a href="#">Pfam</a>	<a href="#">Myb DNA-binding</a>	65	110

## 二、MYB10序列分析

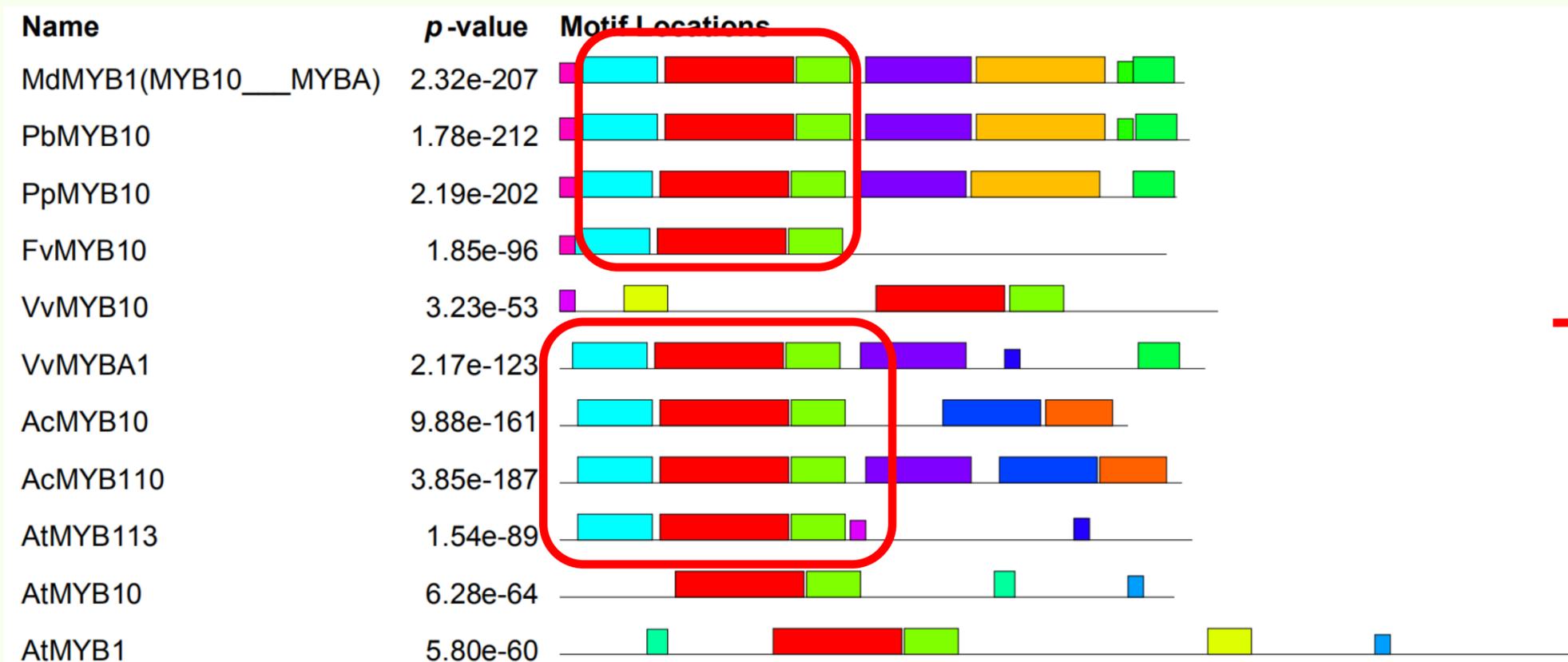
Species 物种	Chinese Name 中文名	Latin Name 拉丁名	TF ID	Uniprot Entry Name Uniprot 序列条目名	aa 长度
Apple	苹果	Malus domestica	MDP0000259614 (222aa)	A0SQ35_MALDO A0SQ37_MALDO	243
Pear	梨	Pyrus bretschneideri	Pbr016663.1 (Pbr016661.1)	B5STY8_9ROSA (B5STY7_PYRPY)	245
Peach	桃	Prunus persica	Prupe.3G163100.1.p	H6S2W7_PRUPE	240
Strawberry	草莓	Fragaria vesca	mrna31413.1-v1.0-hybrid	B5STZ9_FRAVE	236
Grape	葡萄	Vitis vinifera		A0A438GG99_VITVI	256
			GSVIVT01022659001	Q6L973_VITVI	245
Kiwi fruit	猕猴桃	Actinidia chinensis		A0A5Q0UCJ4_ACTCH	221
				A0A075DWE2_ACTCH	242
Mouse-ear cress	拟南芥	Arabidopsis thaliana	AT1G66370.1	MY113_ARATH	246
			AT3G12820.1	MYB10_ARATH	239
			AT3G09230.1	MYB1_ARATH	393

# 四、MYB10序列分析



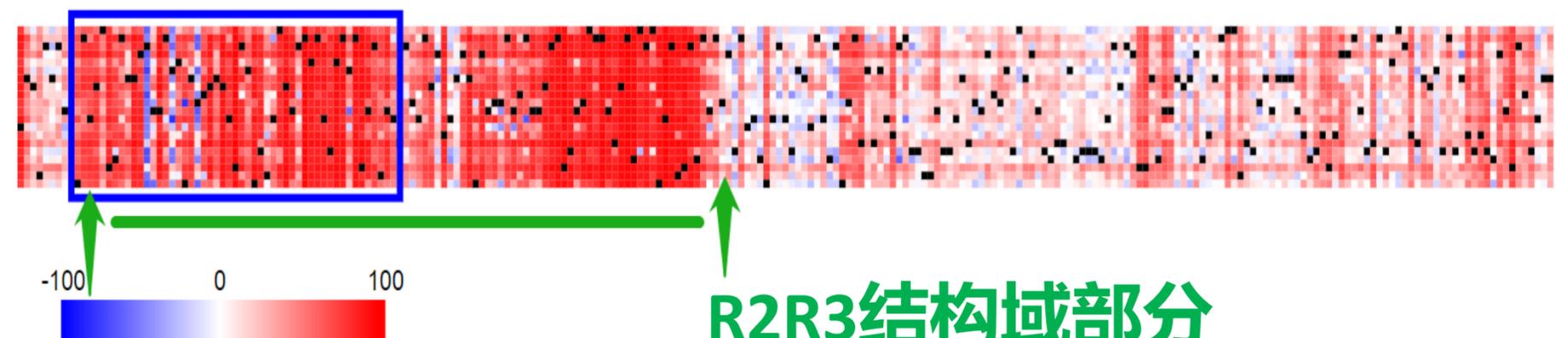
# 二、MYB10序列分析

## 2、结构域分析



MYB R2、R3结构域保守基序，与其调控花青素合成的功能密切相关。

Motif	Symbol	Motif Consensus
1.	[Red]	AGLNRCRKSCRLRWLNLYLKPNIKRGEFTEDEVDLI IRLHKLKLGNRWSLIA
2.	[Cyan]	VRKGAWTREEDKLLRQCIEKYGEGKWHQV
3.	[Green]	RLPGRITANDVKNYWNTHLRKK
4.	[Purple]	RYKIQEETDKYKHLIDPQKQYKGGDYLGGKEDLIDHITQSAE
5.	[Orange]	STPSQTSSSTKNGNDWWTLLLEGEDTFERAACPSIELEEEELFTSFWFDDR
6.	[Light Green]	GQGRGDFSFVDFWNH
7.	[Blue]	PSNNEILWWDNKILGPZIDDIGINWSIDGSIFEEPILG
8.	[Pink]	MEGYNV
9.	[Light Orange]	QSAGDRFLQQNQRDWSDIFJEDVDLW
10.	[Yellow]	ACDHHEGQSPGIQDQC
11.	[Light Green]	CANFPE
12.	[Cyan]	VEZDACGF
13.	[Blue]	PEFDDY
14.	[Purple]	DNIWWE
15.	[Pink]	ERCCKI



R2R3结构域部分

<https://predictprotein.org/>

(<https://meme-suite.org/meme/>)

# 三、蛋白质结构分析

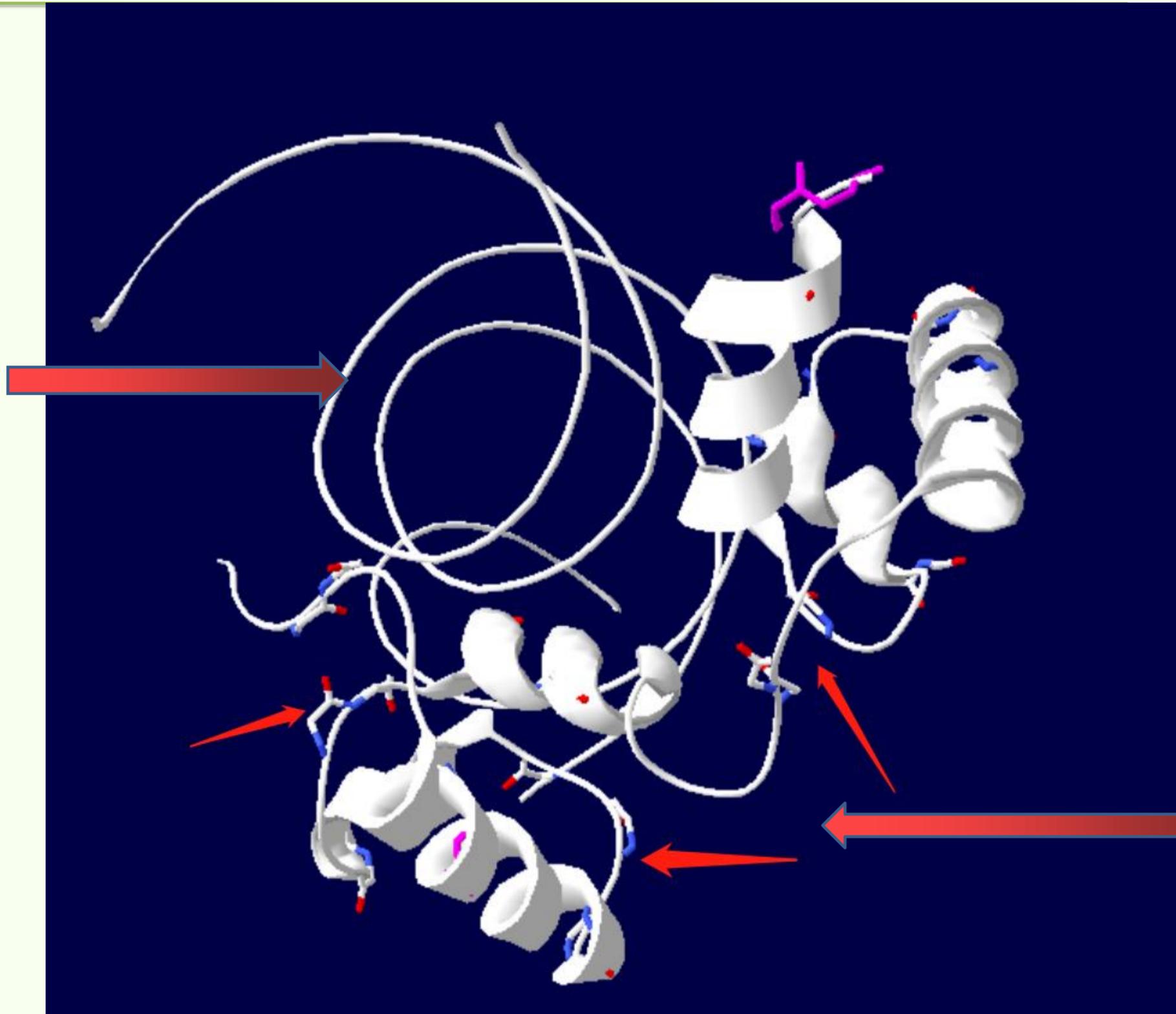
R2R3 MYB转录因子目前只有拟南芥的WER (AtMYB66) 蛋白结构已测定，将苹果的MYB10序列与其进行对比，两个结构域序列相似性很高，可用WER的结构作为参考

		R2结构域			
A0SQ35	A0SQ35_MALDO	1	-----MEGYNENLSVRKGAWTREEDNLLRQCVEIHGEGKWNQVSYKAGLNRCRKSCRQR		54
Q9SEI0	WER_ARATH	1	MRKKVSSSGDEGNNEYIKGLWTVEEDKILMDYVKAHGKGHWNRIAKKTGLKRCGKSCRLR		60
			. * : * . ** ** ***::* : * : **:*:*:*::: *:*:*:* ***** *		
A0SQ35	A0SQ35_MALDO	55	WLNYLKPNIKRGDFKEDEVDLIIRLHRLLGNRWSLIARRLPGRRTANAVKKNYWNTRLRIDS		114
Q9SEI0	WER_ARATH	61	WMNYLSPNVIRGNFTEQEEDLIIRLHKLLGNRWSLIAKRVPGRRTDNQVKNYWNTHLSKKL		120
			*.****. **:* **:* *:* * *****:*****:*:* ***** * *****:*		
A0SQ35	A0SQ35_MALDO	115	RMKTVKNKSQEMRKT-NVIRPQPQKFNRRSSYYLSSKEPILDHIQSAEDLSTPPQTSSSTK		173
Q9SEI0	WER_ARATH	121	GIKDQKTKQSNQDIVYQINLPNPTETSE-----ETKISNIVDNNNIL--GDEIQEDH		170
			:* *. *..: . :: ** : .. * :..:* . ::: : .. :		
A0SQ35	A0SQ35_MALDO	174	NGNDWWETLLEGEDTFERAAYPSIELEELFTSFWFDDRLSPRSCANFPEGQSRSEFSFS		233
Q9SEI0	WER_ARATH	171	QGSNYLSSLWVHEDEFELSTLTNM-----MDFIDGHCF-----		203
			:*.: :.* ** ** :: .. :* :*..		
A0SQ35	A0SQ35_MALDO	234	TDLWNHSKEE		243
Q9SEI0	WER_ARATH	204	-----		203

R3结构域

# 三、蛋白质结构分析

DNA磷酸骨架



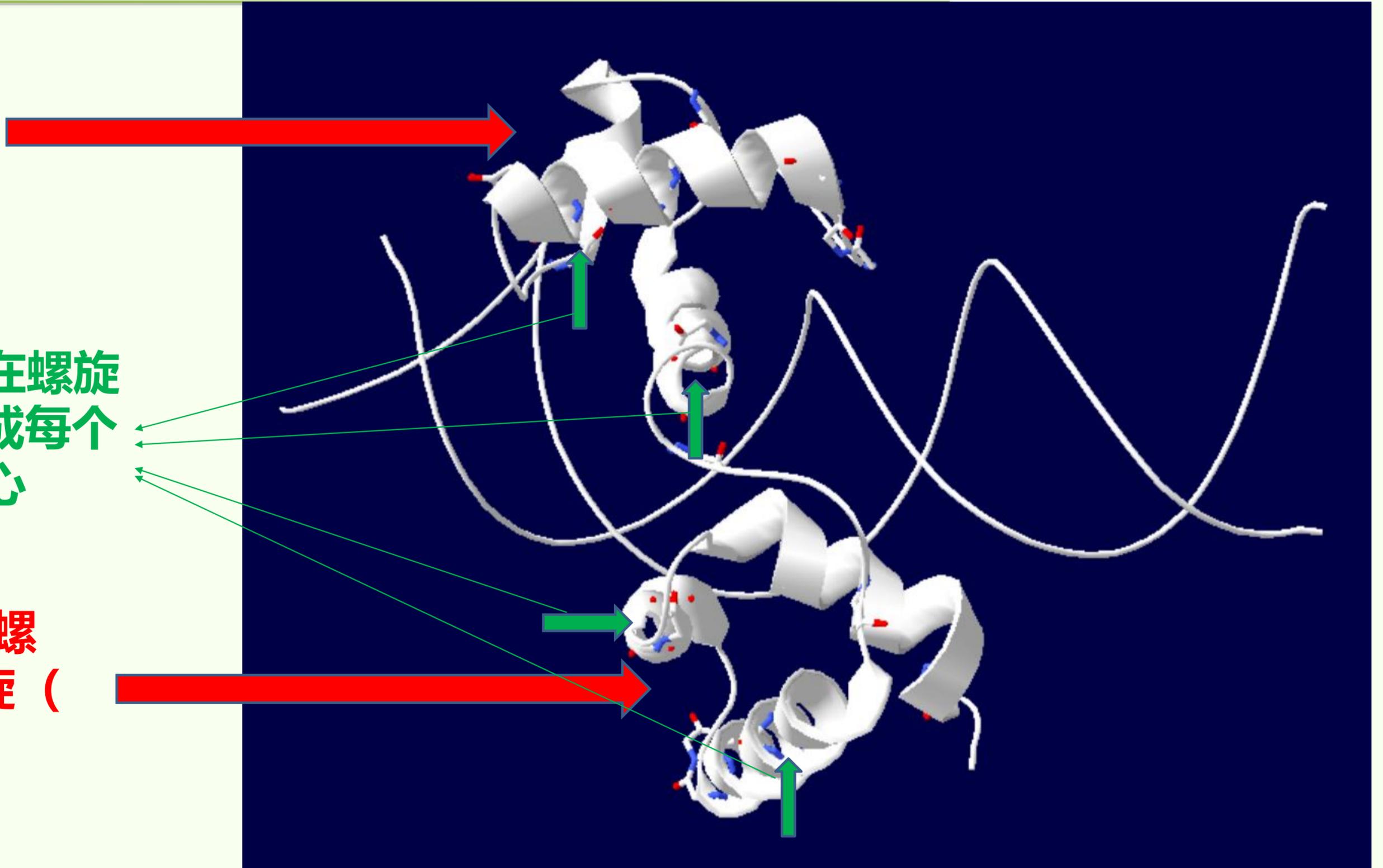
碱性氨基酸  
分布在蛋白  
外表面

# 三、蛋白质结构分析

R2结构域的螺旋-转角-螺旋 (HTH) 结构

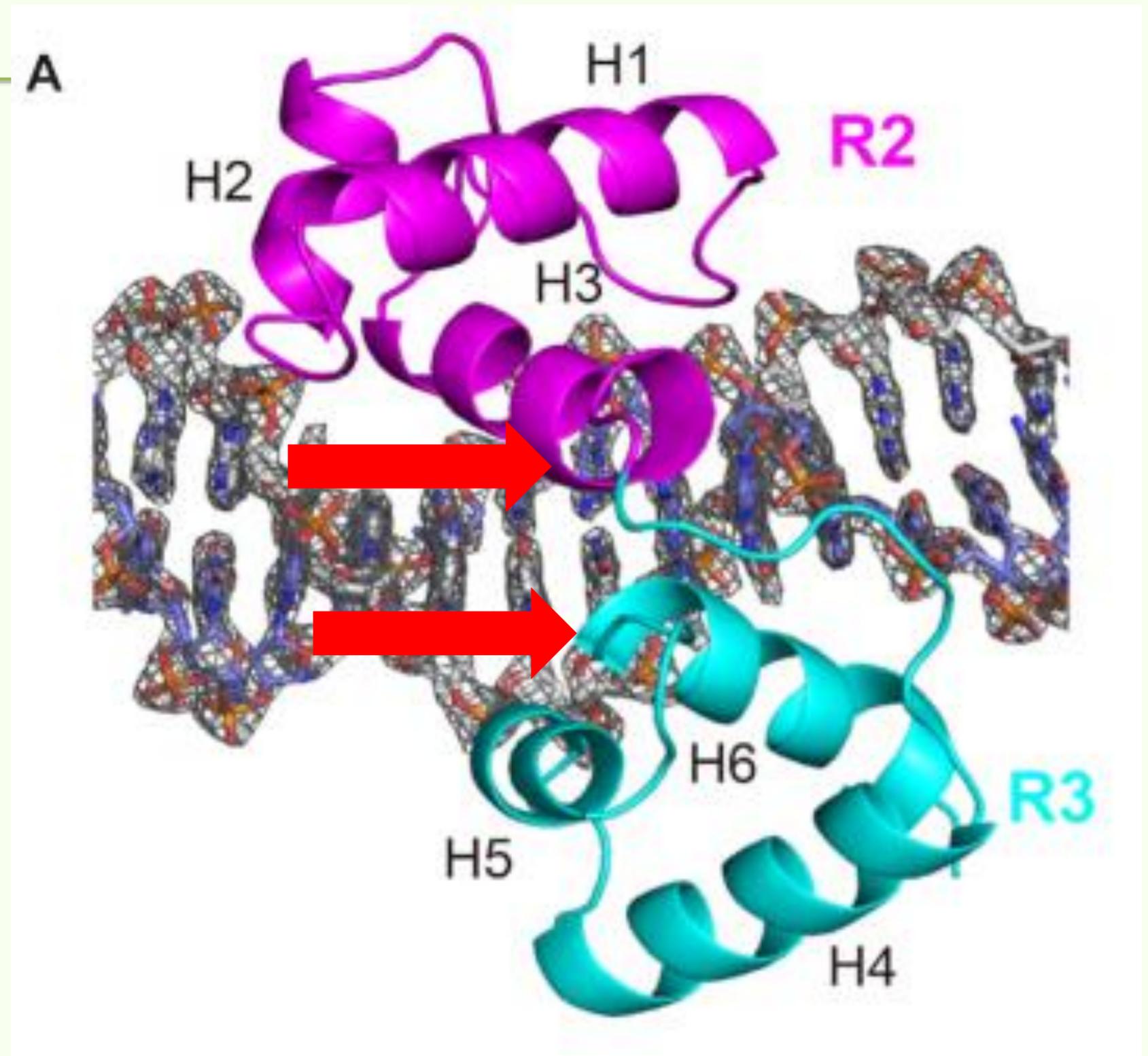
疏水氨基酸分布在螺旋内, Trp或Phe构成每个螺旋内的疏水核心

R3结构域的螺旋-转角-螺旋 (HTH) 结构



# 三、蛋白质结构分析

- R2R3 MYB转录因子是DNA结合蛋白。
- 每一个MYB结构域都由三个  $\alpha$ -螺旋组成。
- R2 和 R3 重复序列中的第三个 $\alpha$ -螺旋 (H3、H6) 特异性识别 DNA基序并插入DNA的大沟发挥作用。



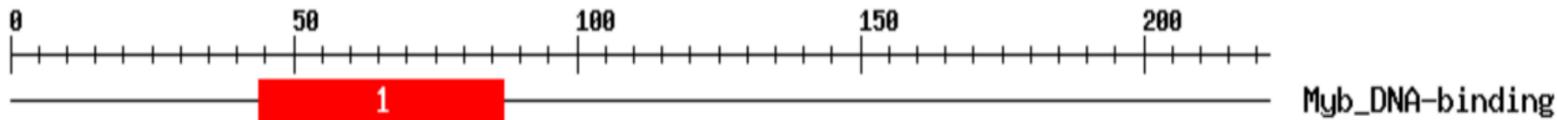
# 四、总结

---

- MYB10的启动子区具有6个23bp的重复基序，构成MYB10的自激活，调控苹果果肉中花青素的合成与积累。
- MYB10转录因子具有两个高度保守的与DNA结合的MYB结构域，是R2R3 MYB，属于MYB家族。其结构域中的保守基序与调控花青素合成和积累的功能密切相关。
- MYB10每个结构域由三个  $\alpha$ -螺旋形成HTH结构，R2 和 R3 重复序列中的第三个  $\alpha$ -螺旋特异性识别 DNA基序并插入DNA的大沟发挥作用。

# 五、工作展望

Plant TFDB是专门的植物转录因子数据库，在对MYB转录因子家族和苹果MYB10进行了解时，发现在Plant TFDB中将苹果的MYB10 (MYB1) 转录因子归类为MYB-related亚家族。

Basic Information <a href="#">? help</a>		<a href="#">Back to Top</a>		
TF ID	MDP0000259614			
Common Name	MYB1			
Organism	<i>Malus domestica</i>			
Taxonomic ID	3750			
Taxonomic Lineage	cellular organisms; Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Streptophytina; Embryophyta; Tracheophyta; Euphyllophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Mesangiospermae; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetales; rosids; fabids; Rosales; Rosaceae; Maloideae; Maleae; Malus			
Family	MYB_related			
Protein Properties	Length: 222aa MW: 26321.1 Da PI: 8.7916			
Description	MYB_related family protein			
Gene Model	Gene Model ID	Type	Source	Coding Sequence
	MDP0000259614	genome	GDR	<a href="#">View CDS</a>
Signature Domain <a href="#">? help</a>		<a href="#">Back to Top</a>		
		Myb_DNA-binding		

# 五、工作展望

在转录因子库中，MYB10 的序列缺少了R2结构域中的一段序列，关键序列的缺失造成了在扫描注释时只识别了一个结构域，因此被错误分类。

26-47aa  
序列缺失

MYB  
结构域

```
>MDP0000259614      Malus domestica MYB_related family protein

                        Length = 222

Score = 442 bits (1138), Expect = e-161,   Method: Compositional matrix adjust.
Identities = 221/243 (90%), Positives = 221/243 (90%), Gaps = 21/243 (8%)

Query: 1  MEGYNENLSVRKGAWTREEDNLLRQCVEIHGEGKWNQVSYKAGLNRCRKSCRQRWLNLYLK 60
          MEGYNENLSVRKGAWTREEDNLLRQC-----RKSCRQRWLNLYLK
Sbjct: 1  MEGYNENLSVRKGAWTREEDNLLRQC-----RKSCRQRWLNLYLK 39

Query: 61  PNIKRGFKEDEVDLIIRLHRLGNRWSLIARRLPGRTANAVKNYWNTRLRIDSRMKTVK 120
          PNIKRGFKEDEVDLIIRLHRLGNRWSLIARRLPGRTANAVKNYWNTRLRIDSRMKTVK
Sbjct: 40  PNIKRGFKEDEVDLIIRLHRLGNRWSLIARRLPGRTANAVKNYWNTRLRIDSRMKTVK 99

Query: 121 NKSQEMRKTNVIRPQPQKFNRSYYLSSKEPILDHIQSAEDLSTPPQTSSSTKNGNDWWE 180
          NKSQEMRKTNVIRPQPQKFNRSYYLSSKEPILDHIQSAEDLSTPPQTSSSTKNGNDWWE
Sbjct: 100 NKSQEMRKTNVIRPQPQKFNRSYYLSSKEPILDHIQSAEDLSTPPQTSSSTKNGNDWWE 159

Query: 181 TLLEGEDTFERAAYPSIELEEELFTSFWFDDRLSPRSCANFPEGQSRSEFSFSTDLWNHS 240
          TLLEGEDTFE AAYPSIELEEELFTSFWFDDRLSPRSCANFPEGQSRSEFSFSTDLWNHS
Sbjct: 160 TLLEGEDTFEXAAYPSIELEEELFTSFWFDDRLSPRSCANFPEGQSRSEFSFSTDLWNHS 219

Query: 241 KEE 243
          KEE
Sbjct: 220 KEE 222
```

# 五、工作展望

---

苹果的全基因组测序组装目前已经更新了多个版本，质量更高，注释信息更全面。接下来的工作是，准备用苹果GDDH13版本的基因组序列信息，进行建模和结构域扫描，将苹果中的转录因子进行正确的注释、家族分类。

目前已有研究表明，苹果MYB转录因子与WRKY、bHLH等转录因子互作，共同调控苹果花青素合成与抗逆性等，这一项工作可以为之后的相关研究提供参考。

## 参考文献:

- [1] Espley RV, Hellens RP, Putterill J, Stevenson DE, Kutty-Amma S, Allan AC. Red colouration in apple fruit is due to the activity of the MYB transcription factor, MdMYB10. *Plant J.* 2007 Feb;49(3):414-27.
- [2] Chen Z, Yu L, Liu W, Zhang J, Wang N, Chen X. Research progress of fruit color development in apple (*Malus domestica* Borkh.). *Plant Physiol Biochem.* 2021 May;162:267-279.
- [3] Wang N, Jiang S, Zhang Z, et al. *Malus sieversii*: the origin, flavonoid synthesis mechanism, and breeding of red-skinned and red-fleshed apples. *Hortic Res.* 2018;5:70. Published 2018 Oct 15.
- [4] Espley RV, Brendolise C, Chagné D, Kutty-Amma S, Green S, Volz R, Putterill J, Schouten HJ, Gardiner SE, Hellens RP, Allan AC. Multiple repeats of a promoter segment causes transcription factor autoregulation in red apples. *Plant Cell.* 2009 Jan;21(1):168-83.
- [5] Chagné D, Lin-Wang K, Espley RV, Volz RK, How NM, Rouse S, Brendolise C, Carlisle CM, Kumar S, De Silva N, Micheletti D, McGhie T, Crowhurst RN, Storey RD, Velasco R, Hellens RP, Gardiner SE, Allan AC. An ancient duplication of apple MYB transcription factors is responsible for novel red fruit-flesh phenotypes. *Plant Physiol.* 2013 Jan;161(1):225-39.
- [6] Hua Li, Shiyao Duan, Weilei Sun, Sifan Wang, Jie Zhang, Tingting Song, Ji Tian, Yuncong Yao, Identification, through transcriptome analysis, of transcription factors that regulate anthocyanin biosynthesis in different parts of red-fleshed apple ‘May’ fruit, *Horticultural Plant Journal*, Volume 8, Issue 1, 2022, Pages 11-21.
- [7] Umemura H, Otagaki S, Wada M, Kondo S, Matsumoto S. Expression and functional analysis of a novel MYB gene, MdMYB110a\_JP, responsible for red flesh, not skin color in apple fruit. *Planta.* 2013 Jul;238(1):65-76.
- [8] Wang B, Luo Q, Li Y, Yin L, Zhou N, Li X, Gan J, Dong A. Structural insights into target DNA recognition by R2R3-MYB transcription factors. *Nucleic Acids Res.* 2020 Jan 10;48(1):460-471.

**请各位老师同学  
批评指正！**