

# 同源域亮氨酸拉链 (HD-Zip) 转录因子

郑旭

CAAS08F2-E

孟颖颖 潘娜 李岩强 别小敏 成果 于幅宽 任旭 姜晓东

2009-3-12

1

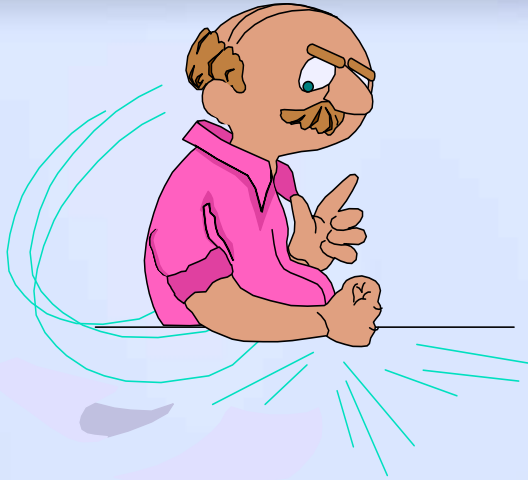
# Contents

➤ 背景

➤ 方法

➤ 结果分析

# Introduction



## 1. 同源结构域亮氨酸拉链转录因子的发现

同源结构域（**HOMEODOMAIN**）转录因子从果蝇到人广泛存在。此后，利用该因子的保守区段作为探针，在拟南芥中筛选到两个基因。进一步的分析发现其后紧挨一个亮氨酸拉链结构域（**Ida Ruberti, The EMBO Journal, 1991**）。

随后**MARK SCHENA**等利用同源结构域作探针，在拟南芥cDNA文库中筛选到8个基因，紧挨其后都含有一个亮氨酸拉链结构域（**MARK SCHENA 等, Proc. Natl. Acad. Sci, 1992**）。说明**HD-Zip**转录因子在拟南芥中广泛存在。

## 2. HD-Zip的研究现状

到目前只有在拟南芥中的研究较为深入，发现该基因家族会迅速应答对外界环境的变化，如光照，干旱及激素。



# Methods

## ➤ HD-Zip序列的获取

- <http://daft.cbi.pku.edu.cn>
- [http:// arabidopsis.org](http://arabidopsis.org)
- <http://rice.tigr.org>
- <http://cn.expasy.org>
- <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>....
- (E value<1e-5)

## ➤ 进化及蛋白结构分析

- Clustal W
- Tree-Puzzle 5.2(ML)

- PHYLIP(v3.6) and MEGA [NJ&MP]
- Structure and motif analysis
- <http://weblogo.berkeley.edu/>
- <http://meme.sdsc.edu/meme/>

# Results

## ➤ HD-Zip序列的筛选鉴定

进入Expasy输入已知的拟南芥HD-Zip基因ATHB2, 找到核心序列, 再利用各个数据库的Blast工具进行搜寻。

Sequence annotation (Features)				
Feature key	Position(s)	Length	Description	Graphical view
<b>Molecule processing</b>				
<input type="checkbox"/> Chain	1 – 318	318	Homeobox-leucine zipper protein ATHB-4	
<b>Regions</b>				
<input type="checkbox"/> Domain	227 – 248	22	Leucine-zipper	
<input type="checkbox"/> DNA binding	160 – 219	60	Homeobox	
<input type="checkbox"/> Compositional bias	34 – 39	6	Poly-Ser	
<input type="checkbox"/> Compositional bias	289 – 294	6	Poly-Thr	

## 九种代表性植物中的HD-ZIP基因

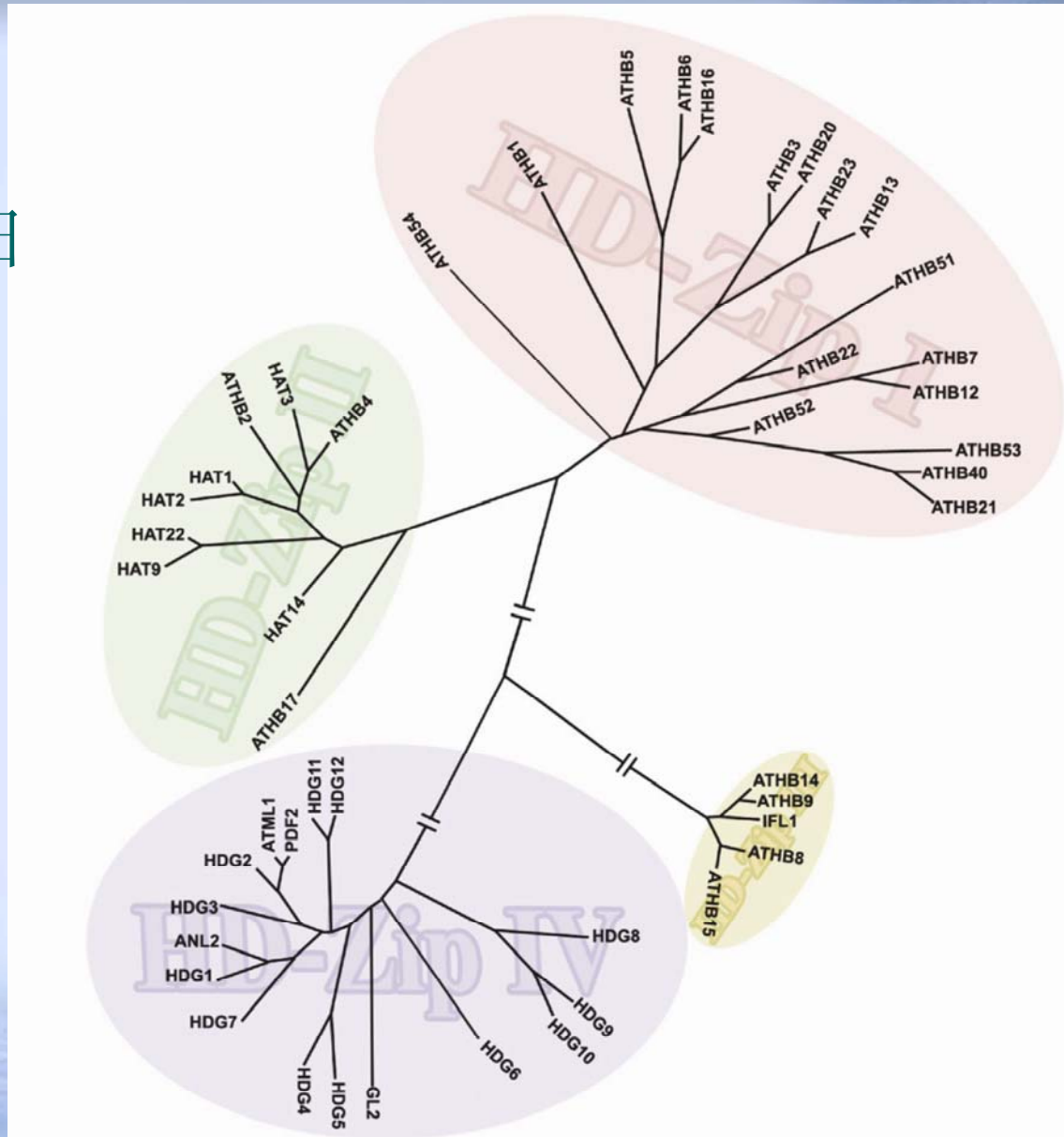
Lineage	Organism	Number	Nomenclature
Alga	<i>Chlamydomonas reihardtii</i>	6	<i>CrHB</i>
Moss	<i>Physcimitrella patens</i>	9	<i>PpHB</i>
Lycophyte	<i>Selaginella moellendorffii</i>	7	<i>SmHB</i>
Gymnosperm	<i>Pinus taeda</i>	6	<i>PiHB</i>
	<i>Picea sitchensis</i>	2	<i>PsHB</i>
Dicots	<i>Arabidopsis thalllana</i>	87	<i>AtHB</i>
	<i>Populus trichocarpa</i>	8	<i>PtHB</i>
Monocots	<i>Oryza sativa</i>	84/103	<i>OsHB</i>
	<i>Zea mays</i>	44	<i>ZmHB</i>
Total		356	



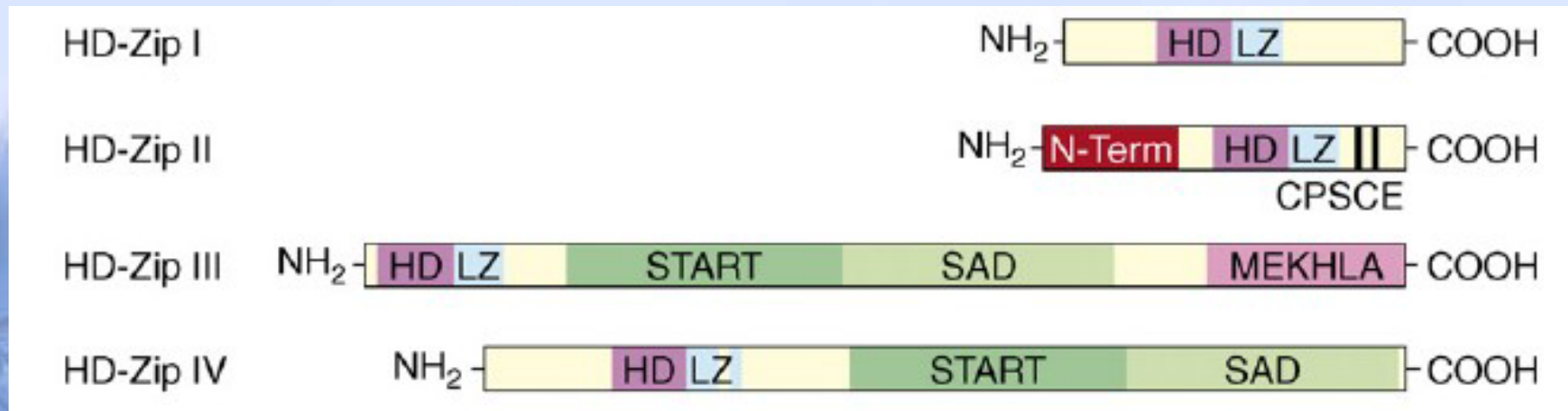
➤ 拟南芥 *HD-zip* 的进化及蛋白结构分析

- 进化树 (Clustal W, Tree-Puzzle 5.2)

# 拟南芥HD-ZIP蛋白的进化分析



# 拟南芥HD-ZIP各亚家族的结构图示 (*EXPASY*中的结构图示)



## HD-zip同DNA的结合情况（PBD）

形成同源二聚体，并通过同源结构域的第三个螺旋与DNA大沟结合。







THANK YOU

