

花儿感知着世界

—拟南芥 $At3g47110$ 基因的结构和功能分析

The Structural and Functional Analysis of $At3g47110$
in *Arabidopsis thaliana*

汇报人：王志娟

组 员：李 玲

蒋陈焜

韩 翔

日 期：2015.01.25

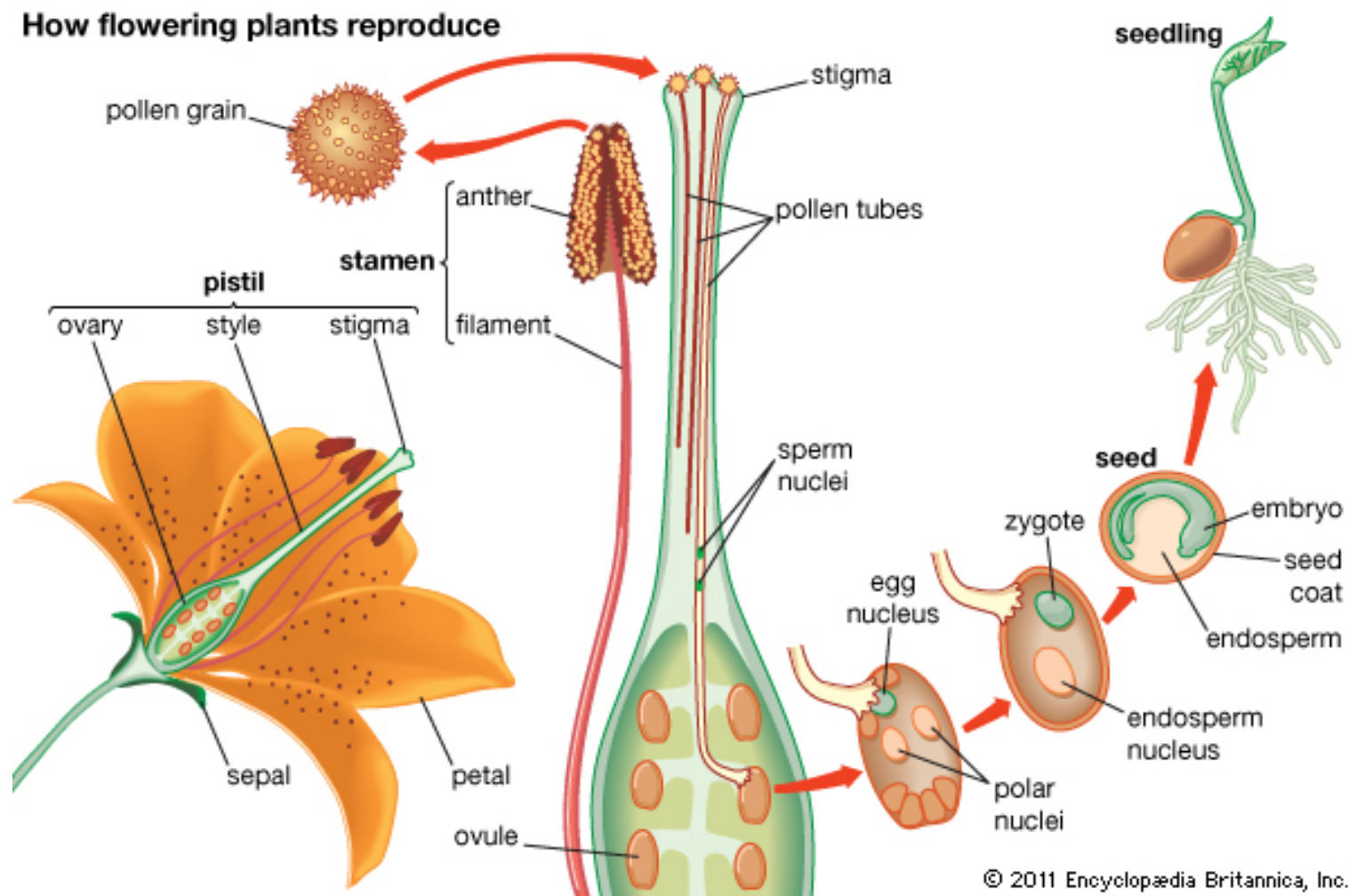


主要内容:

- 研究背景
- AT3G47110基因基本分析
- AT3G47110的结构功能分析
- 实验计划与小结
- 致谢

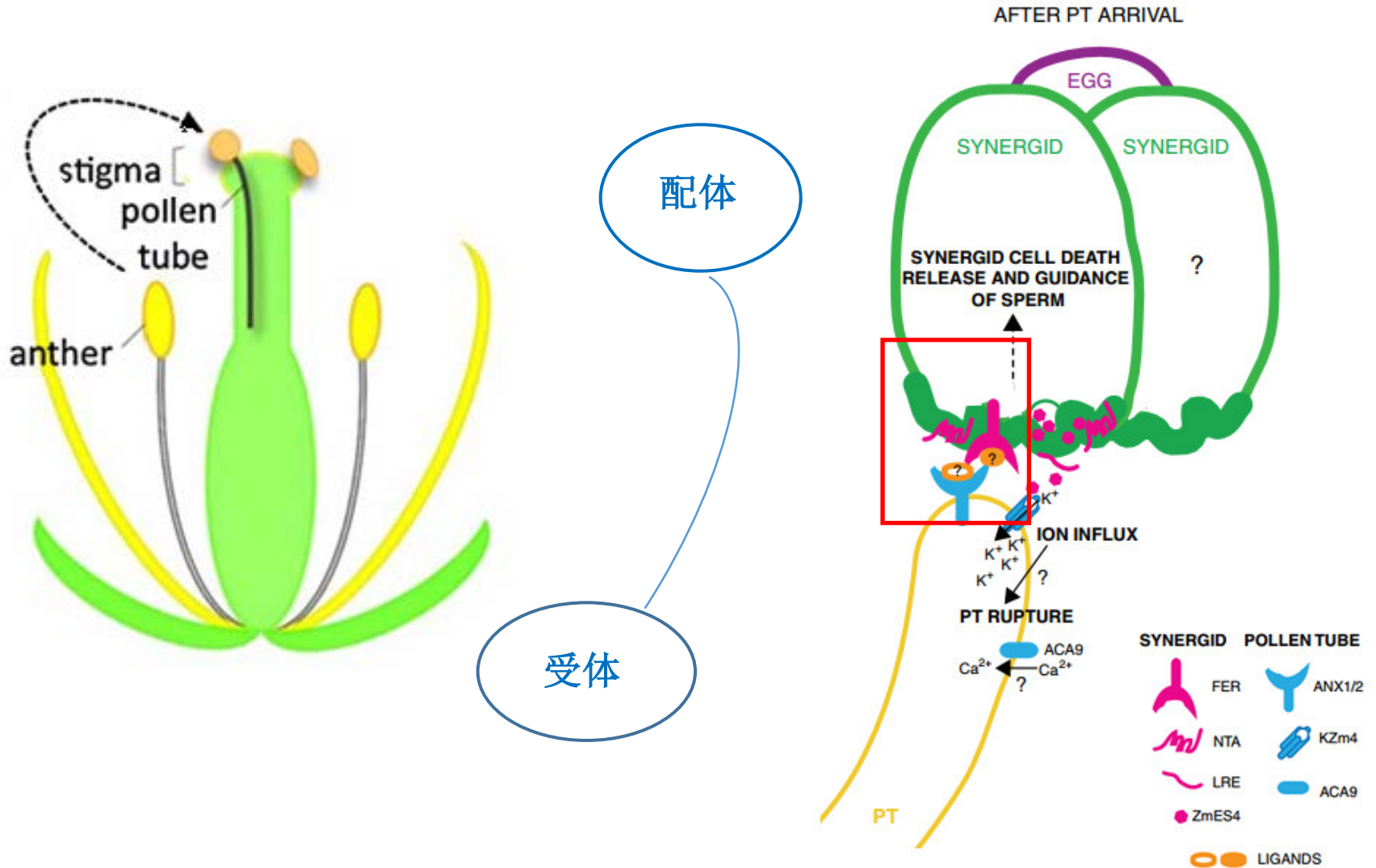
研究背景

拟南芥的一生



研究背景

精细的信号调控从开花到产生种子的过程



AT3G47110的基因基本分析



1. Tair网站注释信息

Locus: AT3G47110

Representative
Gene Model [AT3G47110.1](#)

Gene Model
Type protein_coding

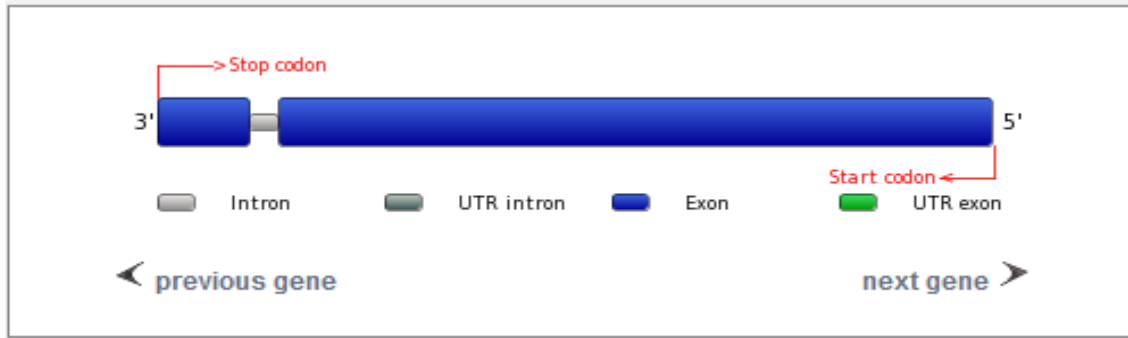
Other names:

Description Leucine-rich repeat protein kinase family protein; FUNCTIONS IN: protein serine/threonine kinase activity, kinase activity, ATP binding; INVOLVED IN: transmembrane receptor protein tyrosine kinase signaling pathway, protein amino acid phosphorylation; LOCATED IN: endomembrane system; CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Protein kinase, ATP binding site (InterPro:IPR017441), Protein kinase, catalytic domain (InterPro:IPR000719), Leucine-rich repeat-containing N-terminal domain, type 2 (InterPro:IPR013210), Leucine-rich repeat (InterPro:IPR001611), Serine/threonine-protein kinase-like domain (InterPro:IPR017442), Protein kinase-like domain (InterPro:IPR011009), Serine/threonine-protein kinase, active site (InterPro:IPR008271); BEST Arabidopsis thaliana protein match is: EF-TU receptor (TAIR:AT5G20480.1); Has 201898 Blast hits to 124021 proteins in 4668 species: Archae - 159; Bacteria - 19385; Metazoa - 64482; Fungi - 8819; Plants - 85595; Viruses - 264; Other Eukaryotes - 23194 (source: NCBI BLINK).

Leucine-rich repeat-containing N-terminal domain (**LRR**,富含亮氨酸的重复区)
transmembrane domain(跨膜域)

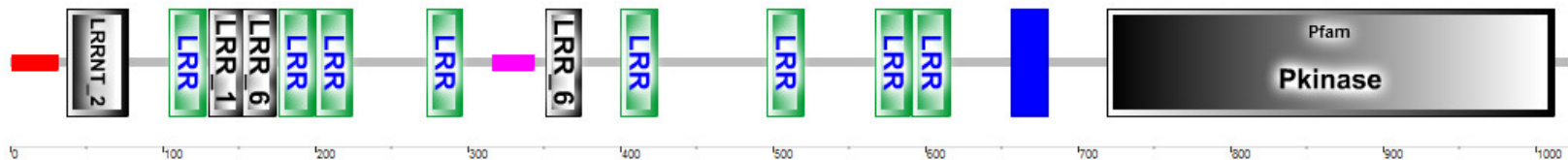
Serine/threonine-protein kinase-like domain (丝氨酸/苏氨酸激酶域)

2. Salk SNP Viewer的基因信息



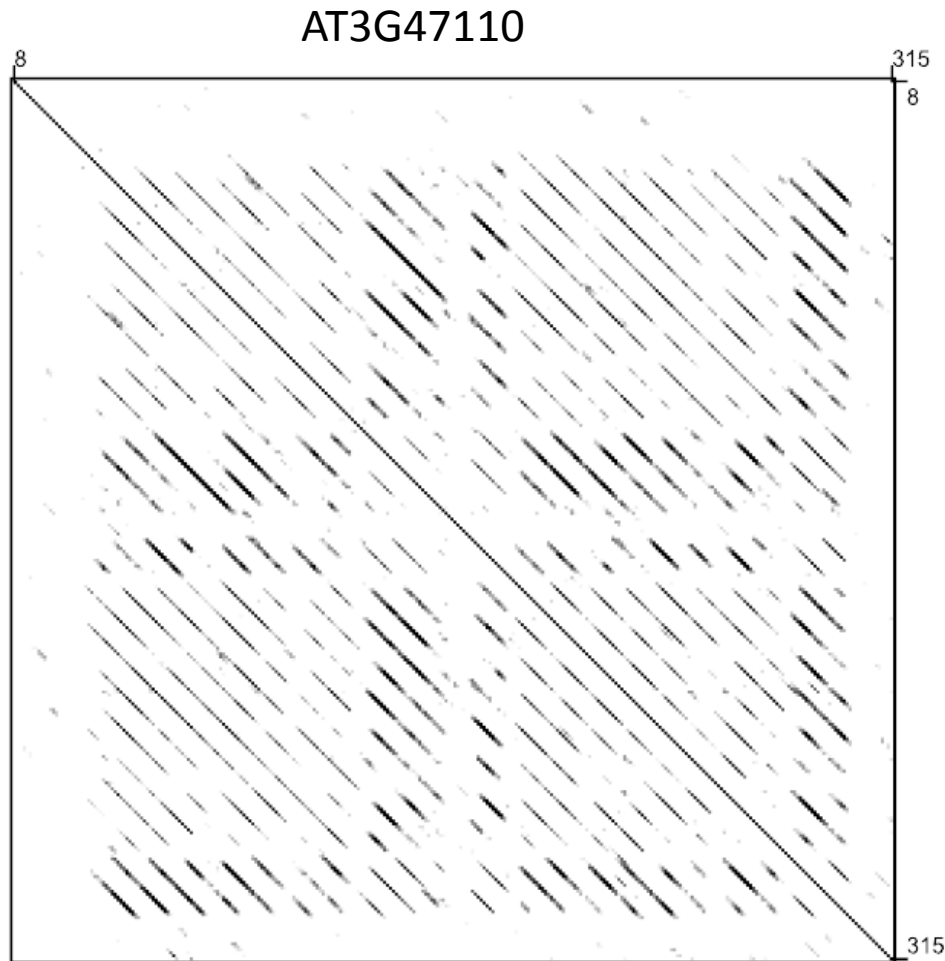
只有一个intron区

3. SMART 预测结构域



LRR胞外域、跨膜域、激酶域

4. Dotlet分析分子内重复区



Matrix : Blosum100
Sliding window : 15
Zoom : 2
Score range : -150 to 255
Gray scale : 49% - 39%
Date : 2015年1月24日 星期六
© Dotlet, Swiss Institute of Bioinformatics

AT3G47110

胞外域序列

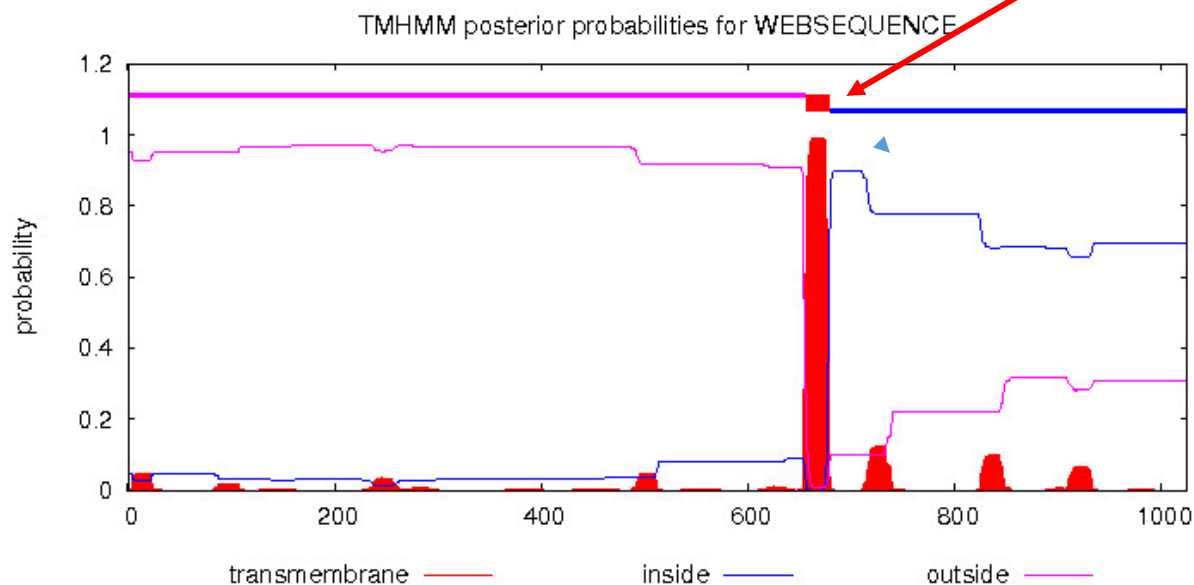
5.利用TMHMM预测跨膜域

TMHMM result

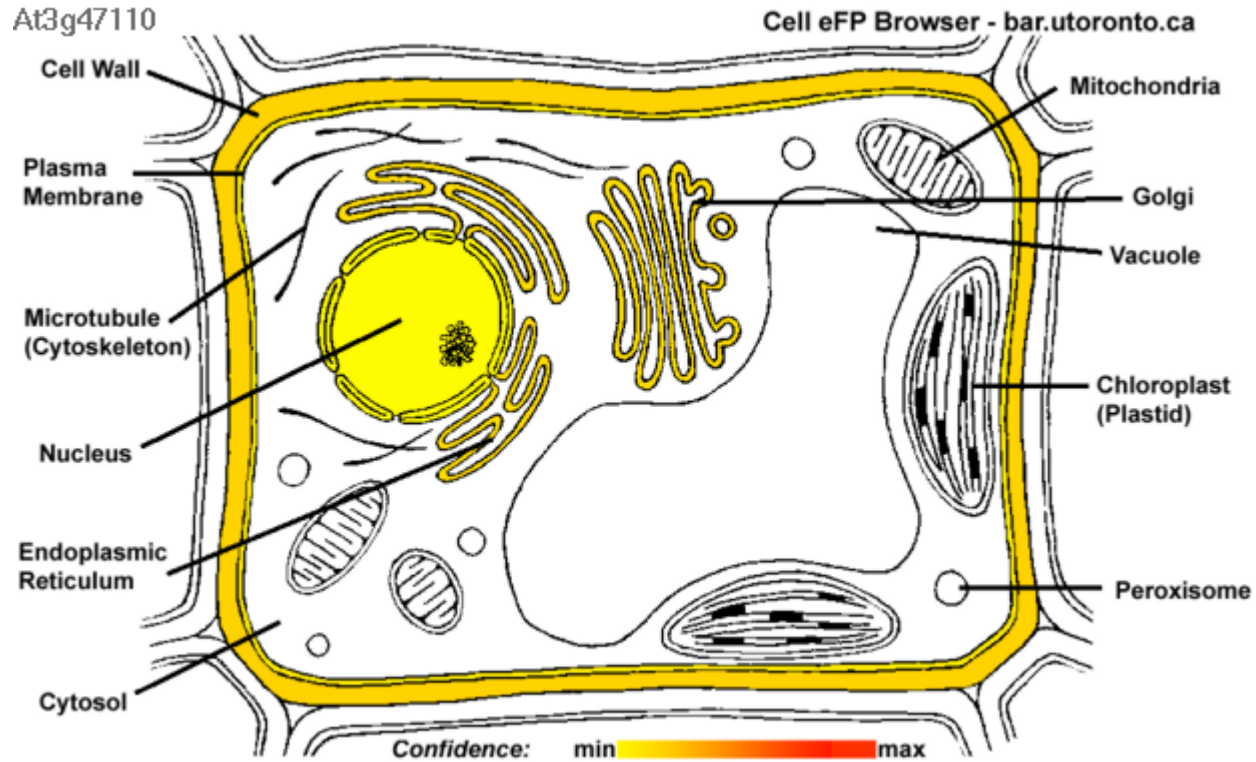
[HELP](#) with output formats

```
# WEBSEQUENCE Length: 1025
# WEBSEQUENCE Number of predicted TMHs: 1
# WEBSEQUENCE Exp number of AAs in TMHs: 32.2995
# WEBSEQUENCE Exp number, first 60 AAs: 0.8688
# WEBSEQUENCE Total prob of N-in: 0.04928
WEBSEQUENCE TMHMM2.0 outside 1 656
WEBSEQUENCE TMHMM2.0 TMhelix 657 679
WEBSEQUENCE TMHMM2.0 inside 680 1025
```

单次跨膜结构



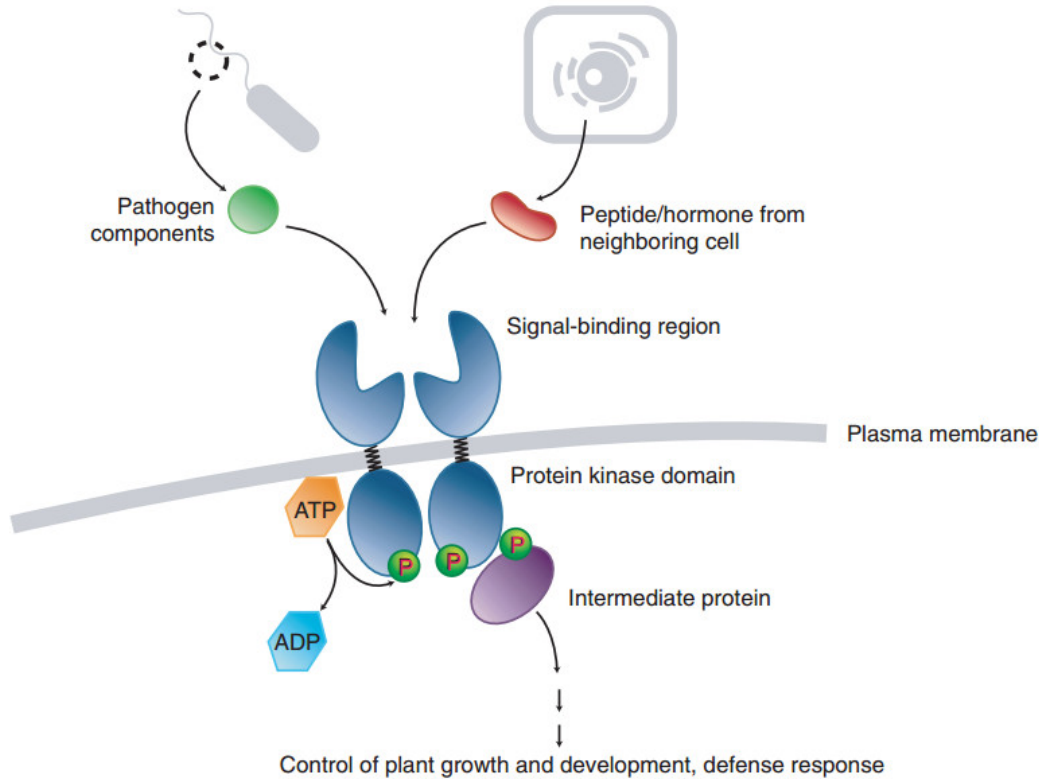
5. Subcellular location



Drawn by T. Ampofo. Data from SUBA (Heazlewood et al, 2007).

主要定位于膜上

6.文献中的相关介绍



- AT3G47110属于RLK家族，LRR亚家族

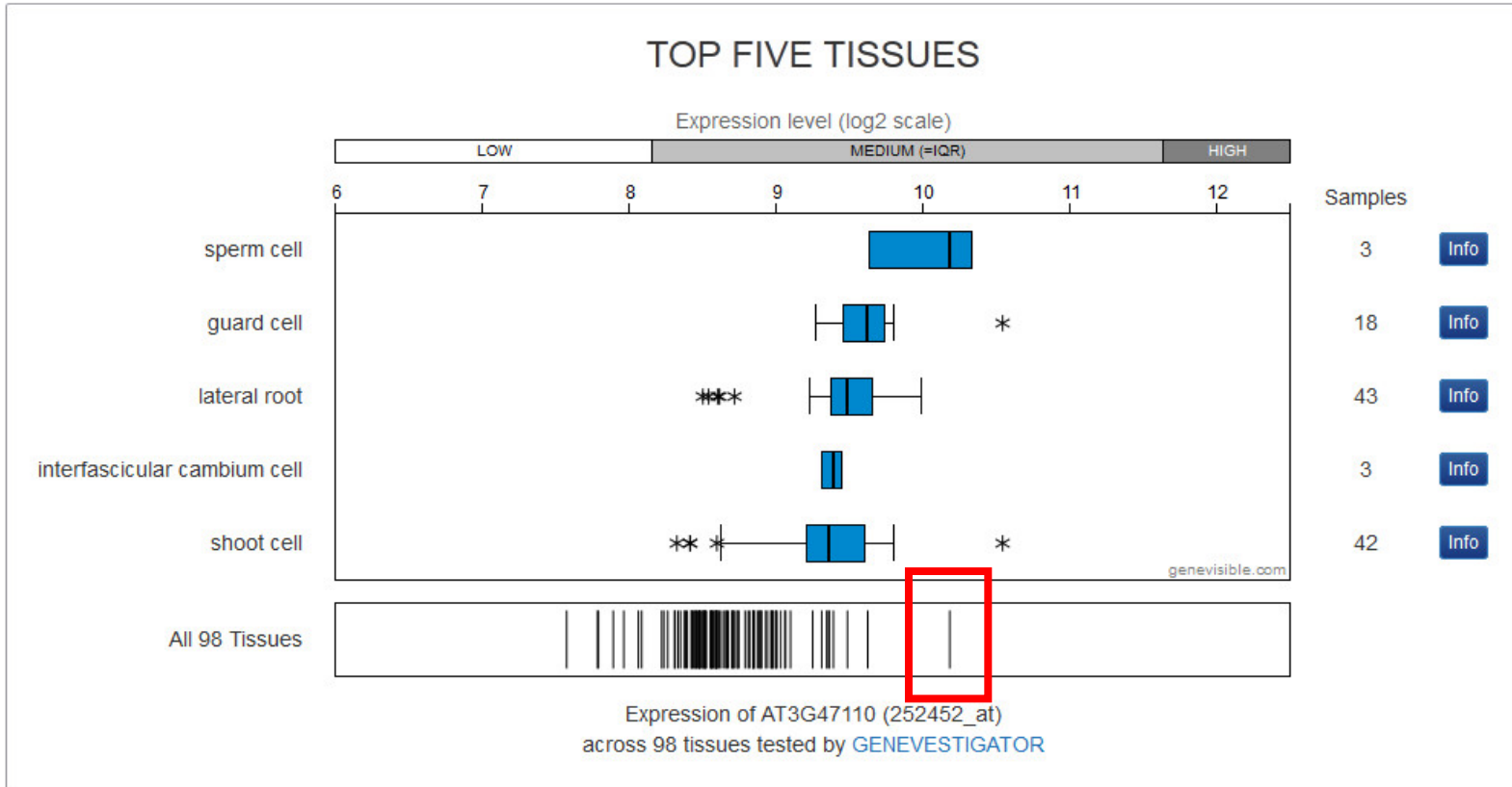
- RLK(Receptor -like kinases)是植物中最大的受体家族,根据结构域的分布分成多个亚家族

- 胞外结构域：感受细胞外的信息
激酶结构域：向胞内传递信号

信号传递

7. 表达量分析

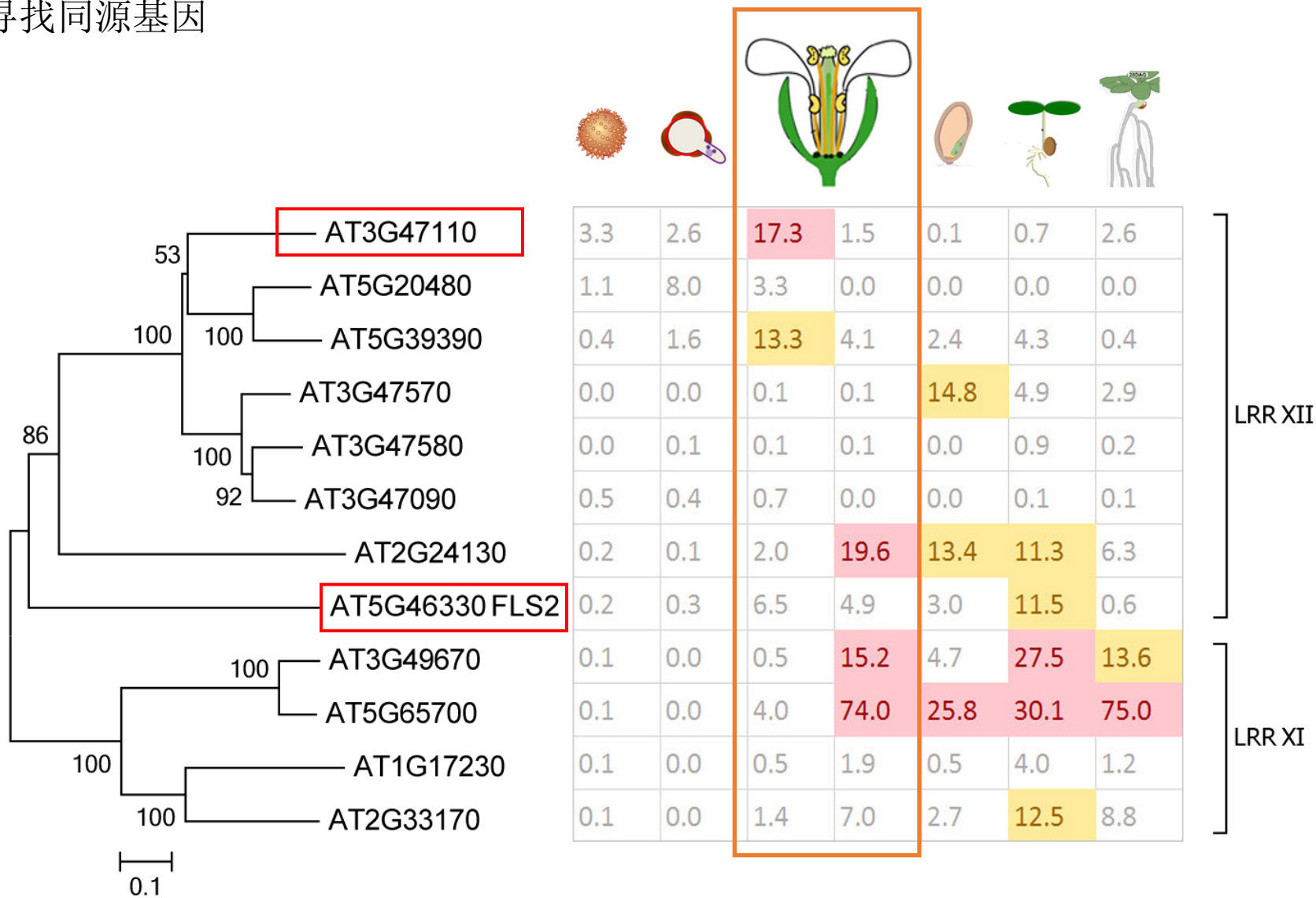
Organism: *Arabidopsis thaliana* / Gene: **AT3G47110** / Selected probe(set): **252452_at** / Platform: **Affymetrix Arabidopsis ATH1 Genome Array**



在精细胞中表达量高

AT3G47110基因的结构功能分析

1. 寻找同源基因

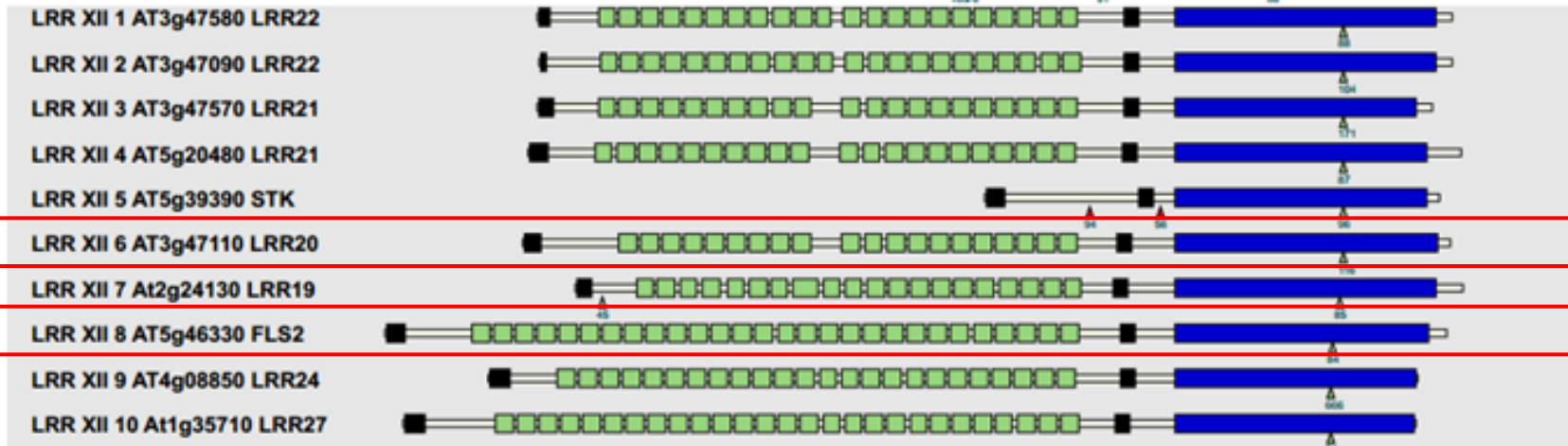


2. 蛋白结构 SMART预测

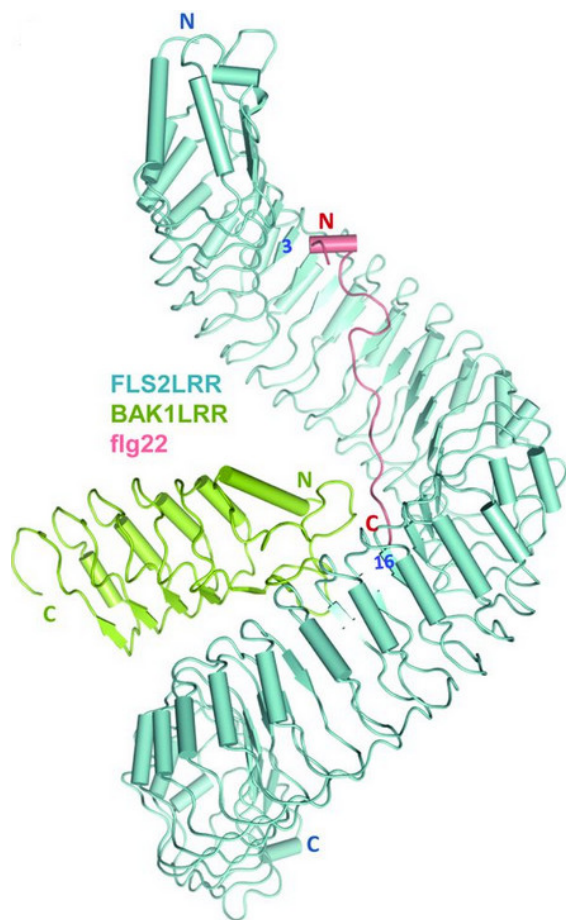
AT3G47110:



FLS2:



3. LRR（富含亮氨酸的重复区域）结构域分析



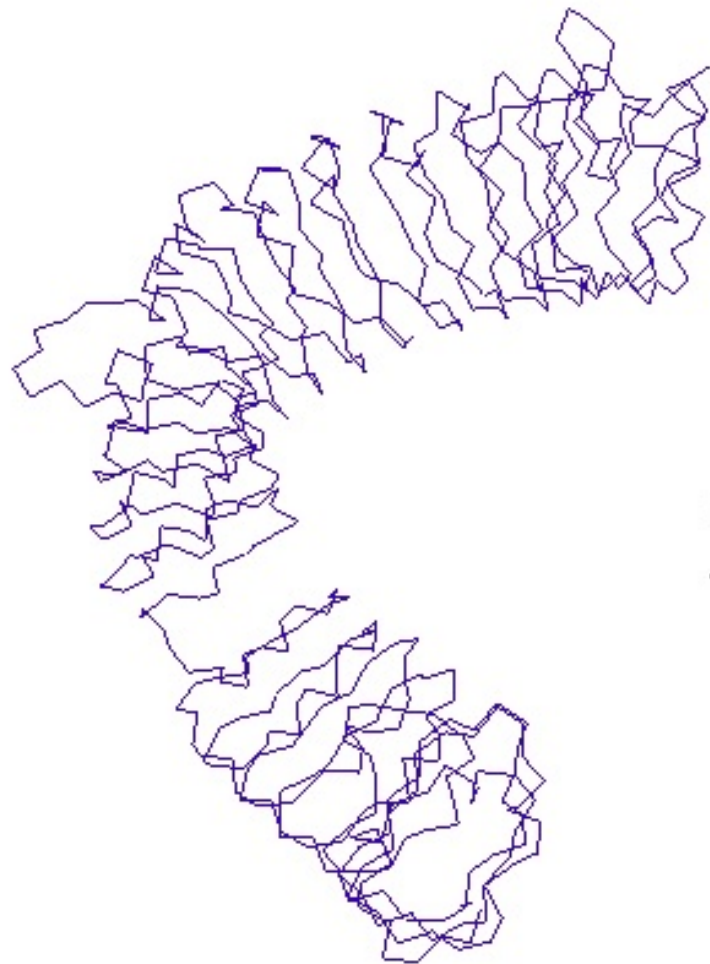
- LRR结构域形成马鞍结构，具有结合小肽的口袋

- LRR Δ 2-6对小肽flg22和共受体BAK1的结合没有太大的影响

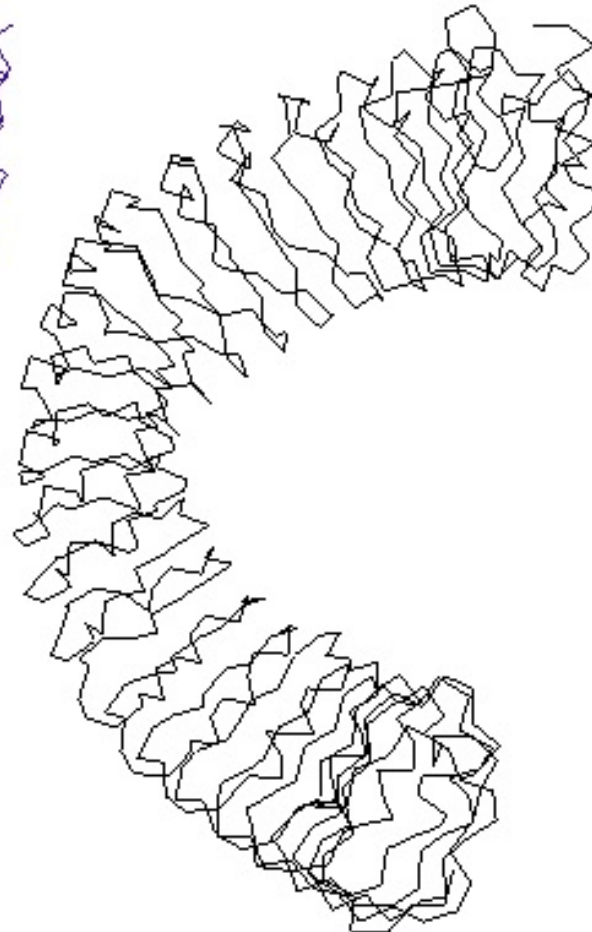
那AT3G47110可以和谁结合，怎样结合？

FLS2结合flg22结构图

N-terminal



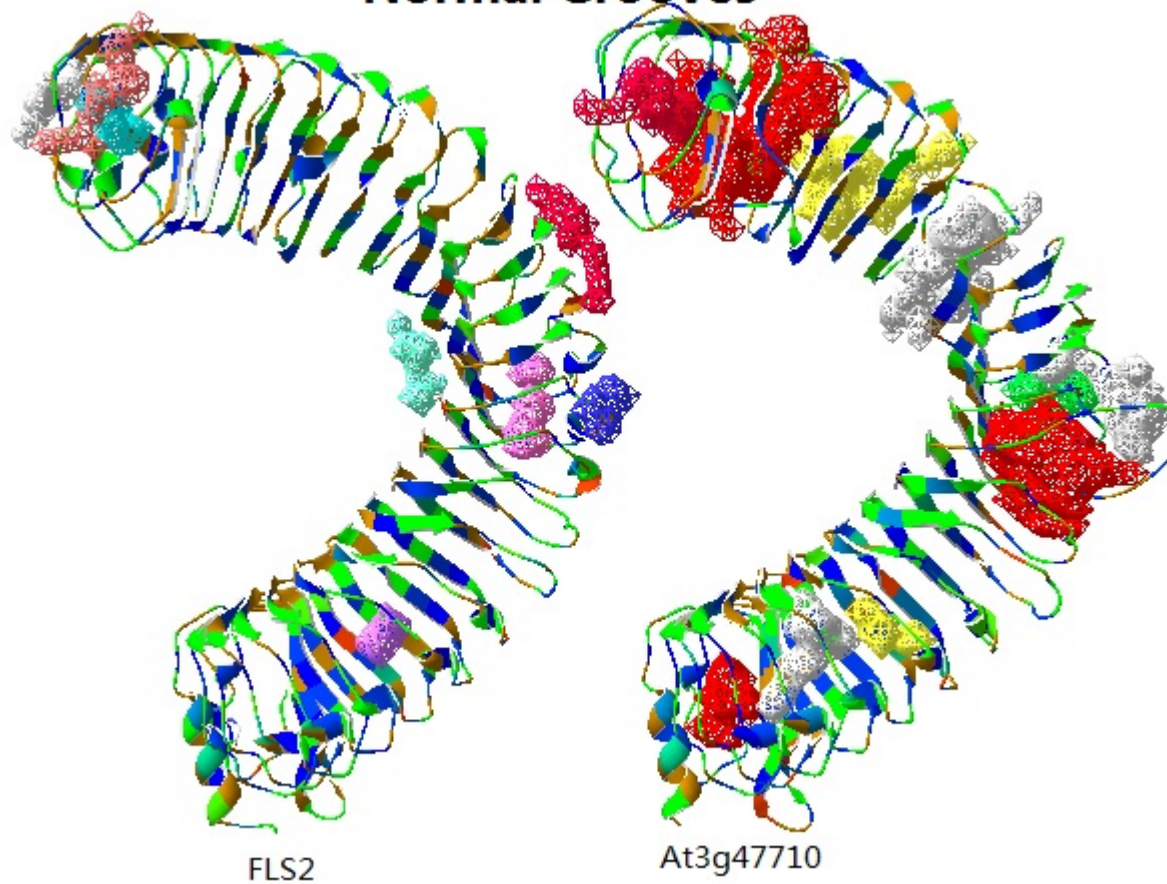
At3G47110



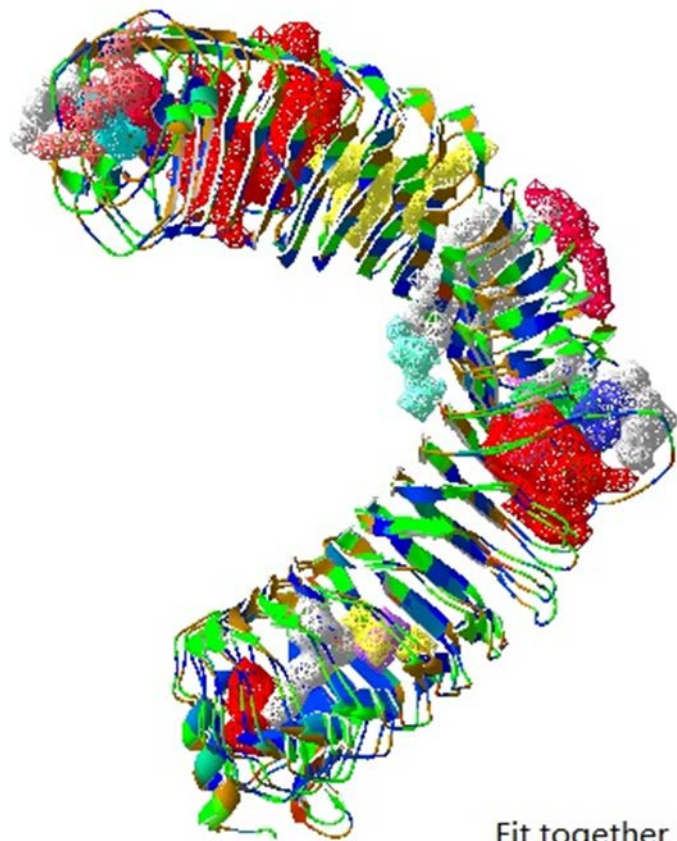
FLS2

C-terminal

Normal Grooves



同源建模从结构上预测可能的结合配体的特性



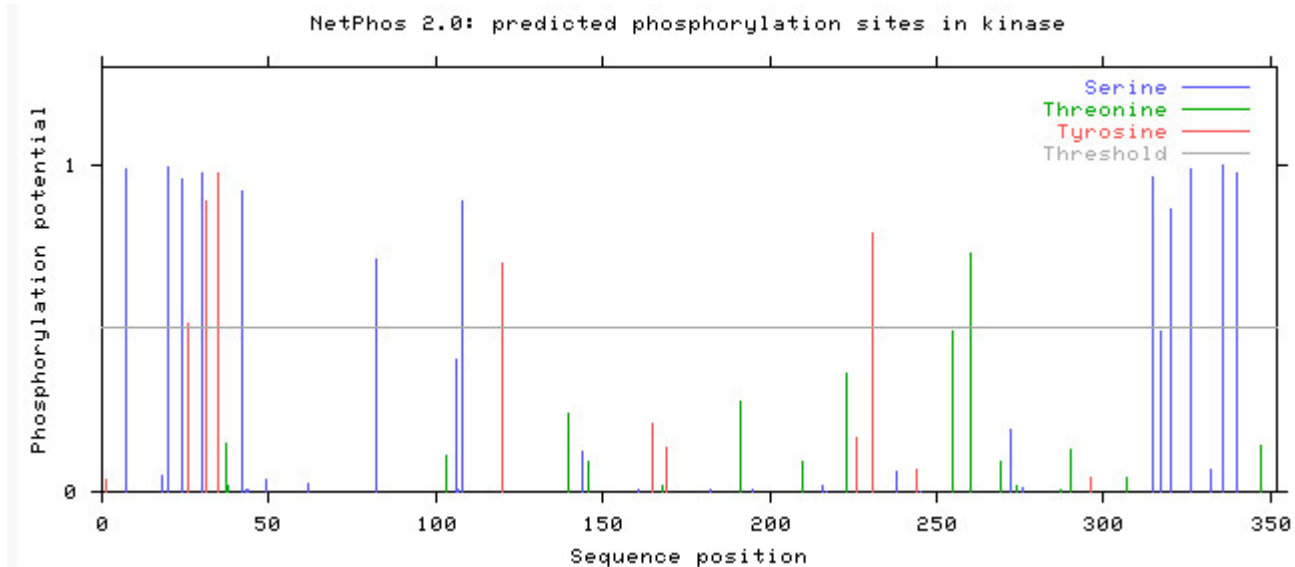
Fit together

RMS=4.4

4. 激酶结构域中有磷酸化位点

```

347 kinase
YKLRVKSVRANNENDRSFSVPKSFYEKISYDELYKTTGGFSSSNLIGSGNFGAVFKGFLGSKNKAVAIAKVLNLCKRGAA      80
KSFIAECEALGGIRHRNLVKLVTICSSDFEGNDFRALVYEFMPNGNLDMWLHPDEIEETGNPSRTLGLFARLNIAIDVA      160
SALVYLHTYCHNPIAHCDIKPSNILLDKDLTAHVSDFGLAQLLLKFDRDTFHIQFSSAGVRGTIGYAAPEYGMGGHPSIM      240
GDVYSFGIVLLEIFTGKRPTNKLFDVGLTLHSFTKSALQKRQALDITDETILRGAYAQHFMVECLTLVFRVGVSCSEES      320
PVNRISMAEAI SKLVSIRESFRRDEET                                                              400
.....S.....S...S.Y...SY...Y.....S.....
.S.....S.....S.....Y.....
.....Y.....
.....T.....S...S
.....S.....S...S.....
Phosphorylation sites predicted:          Ser: 12 Thr: 1 Tyr: 5
    
```



小结

方法	信息	下一步计划
注释信息	在花中表达，定位于膜上	确定表达区域，亚细胞定位
家族分析	存在同源基因，可能有功能冗余	功能缺失实验
二级结构和三维结构分析	包含LRR型的胞外域和胞内的激酶域	分别研究胞外域和胞内域的功能
同源模建	与FLS2结合配体和共受体的位点相似	1) 利用胞外域做酵母双杂实验，寻找小肽配体； 2) 分析小肽结合位点

总结：通过生物信息学的分析，我们对基因的整体信息有了一个基本的了解，利用众多软件对AT3G47110的空间结构进行探索，预测其可能的生物学功能，为我们之后的研究提供了新思路。

致谢

- ◆ 感谢罗老师一学期以来的辛苦付出和对我们报告的悉心指导
- ◆ 谢谢助教们的细心帮助
- ◆ 谢谢G01组组员和所有同学

感想与体会

1. 生物信息学方法可以为我们缩小实验的范围，科研中需要我们将生物学方法与湿实验相结合；
2. 使用生物信息学软件时，有些时候对相同的问题，需要我们利用多种软件同时进行预测，最大可能确保正确性
3. 生物信息学预测的同时也离不开文献阅读，相辅相成
4. 探索科学的路上，一切都是未知的，需要耐心

谢谢！