

棉花SBP转录因子初探

生物信息学二班B队

杨凤环

王俊娟

张文香

苏长青

尹志新

杨作仁

刘坤

张雅涵

张婧妹

葛芸英

常敏

刘树鹏

讲演人：刘树鹏

棉花SBP转录因子的研究

转录因子概况

根据转录因子蛋白的保守序列，目前已从22物种中预测出26402个转录因子，并将其分为64个转录因子家族。它们的主要作用有调节植物生长发育和参与形态建成、参与逆境胁迫等。

SBP

又称SQUA启动子结合蛋白，是因为它能识别并结合于金鱼草MADS-box基因SQUAMOSA启动子，由76个氨基酸组成，有10个左右的保守的Cys和His，通过NMR，CD，及滴定等方法发现SBP拥有两个锌离子结构域。SBP主要的功能较多的报道是与花的发育相关。



Cotton Transcription Factor Database

棉花(upland-cotton)转录因子SBP

在棉花中已预测出有1567个转录因子，而SBP家族包括14个成员。

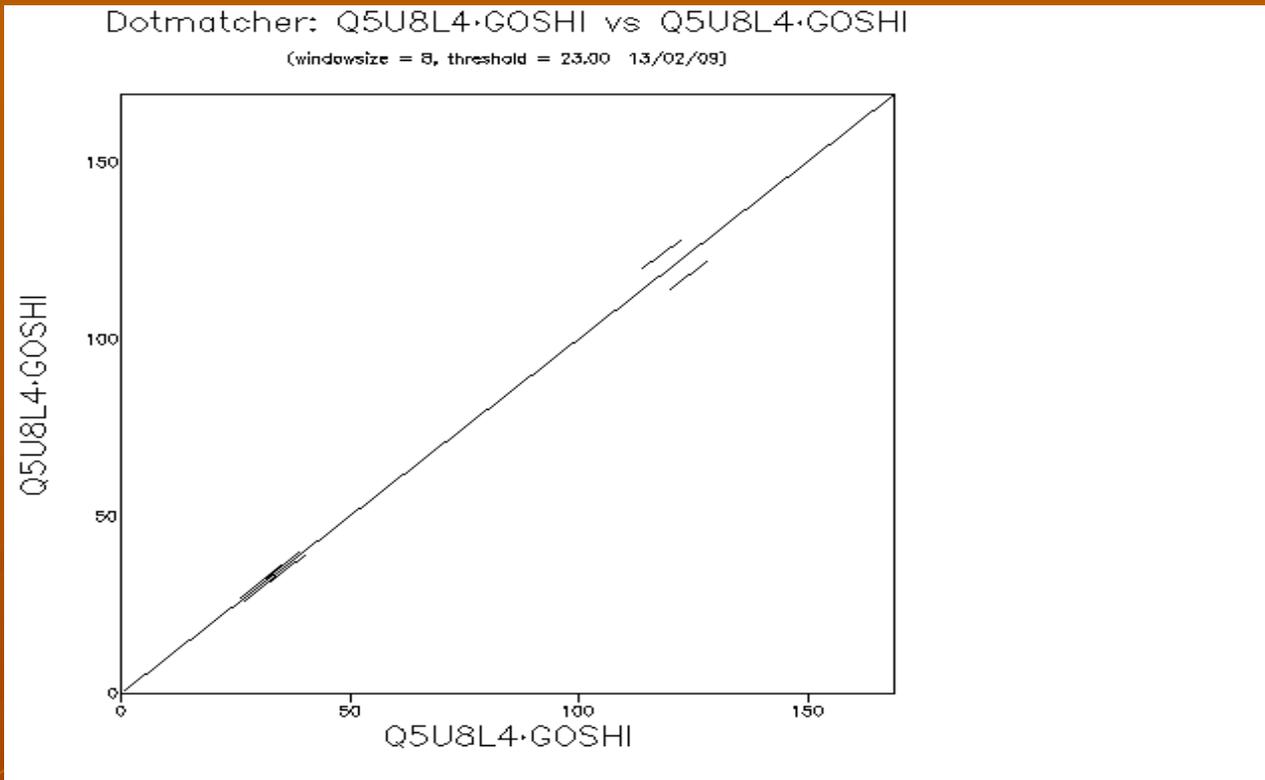
一、SBP的一级结构分析

序列准备

ExPASy里查SBP transcription factor 和cotton 得到 Q5U8L4 ， 共有169个氨基酸。

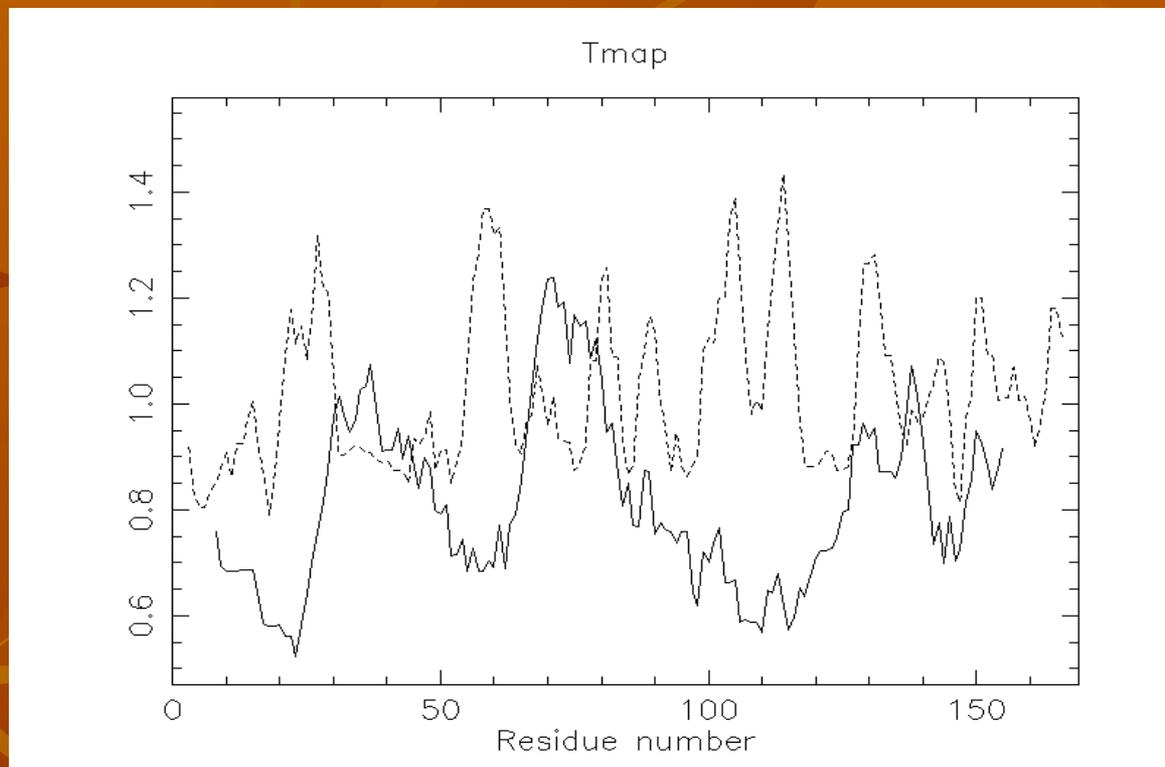
序列分析

dotmatcher分析， 结果为：



Dotmatcher序列比对结果：在第45-50个氨基酸有一段重复序列，在第105-110个氨基酸也有一段重复序列，前一段可能是前导肽，后一段可能是核定位信号。

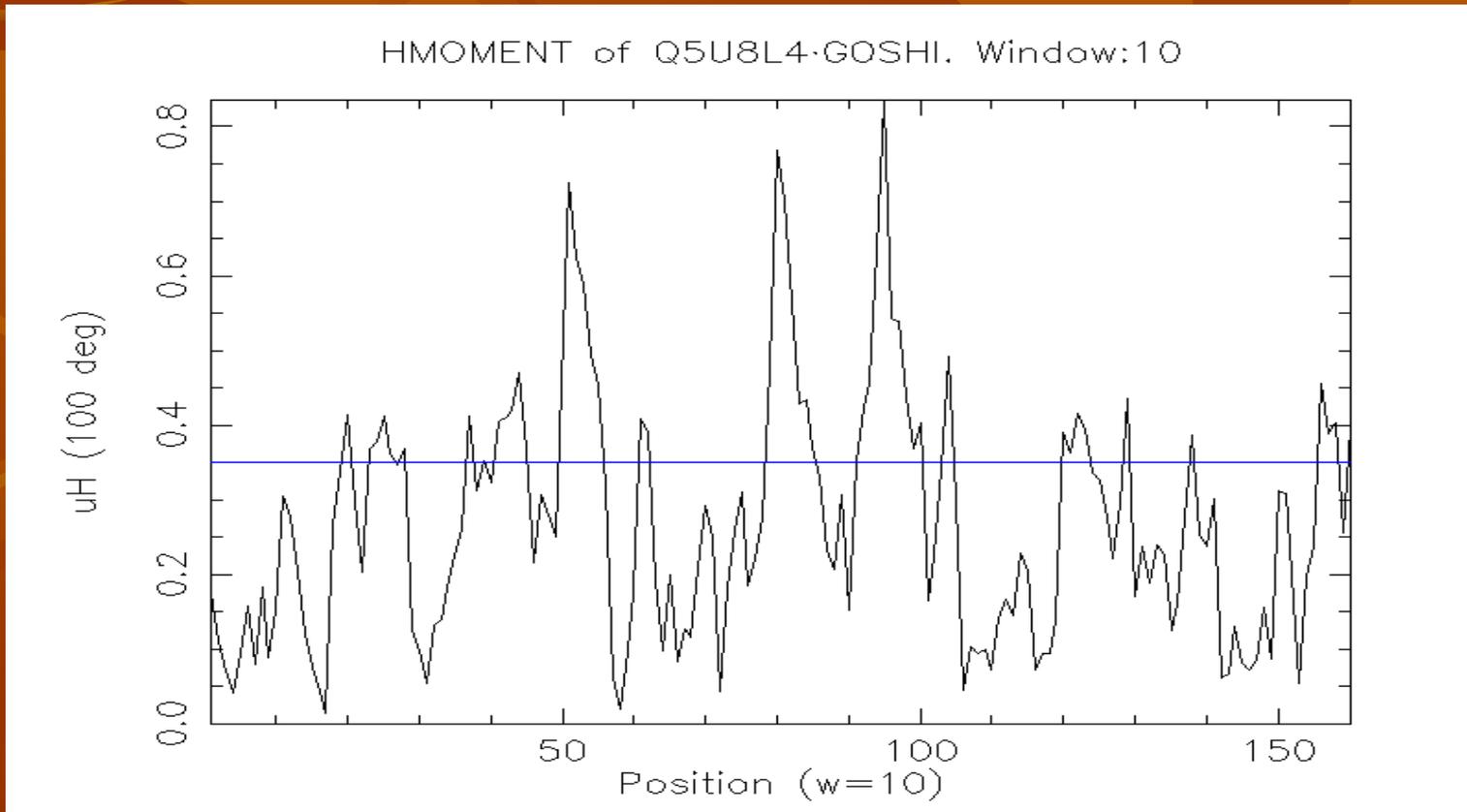
- 应用EMBOSS的Tmap预测其跨膜区



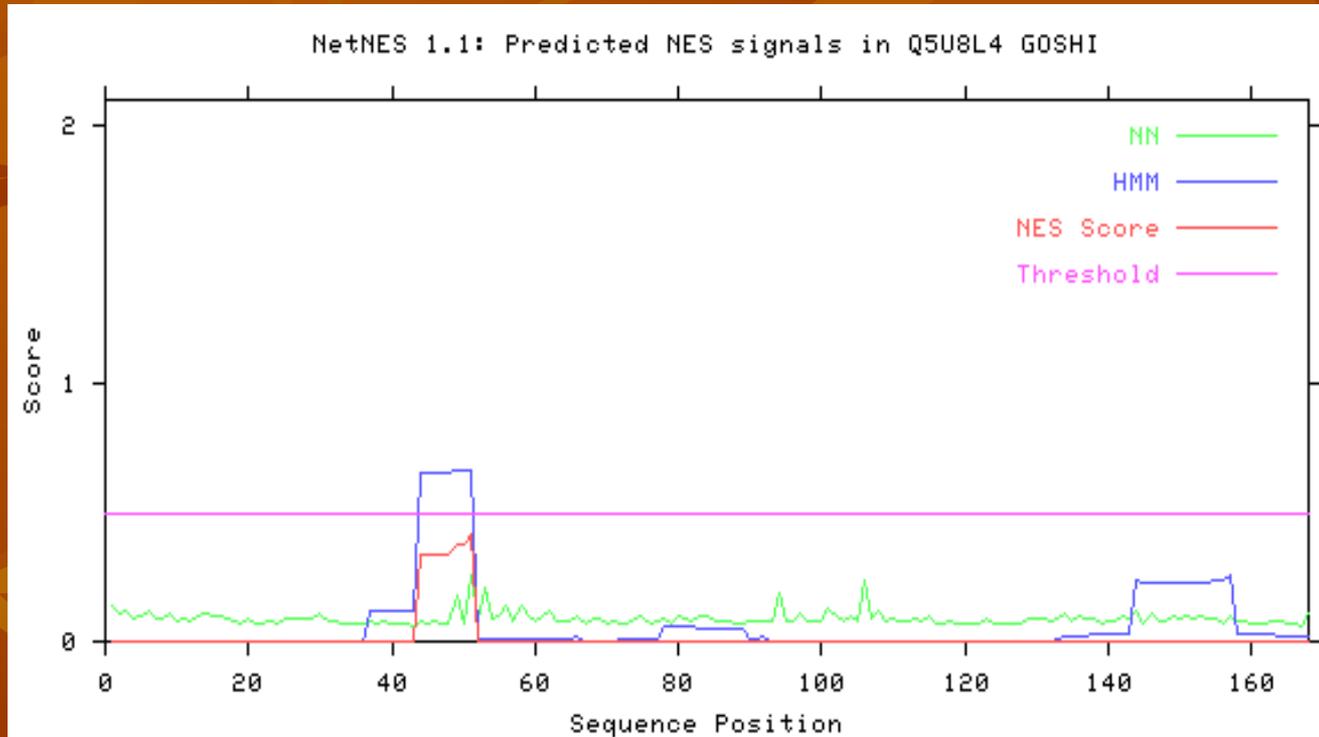
- 结果是这段蛋白序列中不含有跨膜的螺旋区，说明它不是跨膜螺旋。

疏水区的分析

- EMboss中Hmoment软件



- EXPASY下的NetNES 预测亮氨酸核输入信号，结果为：



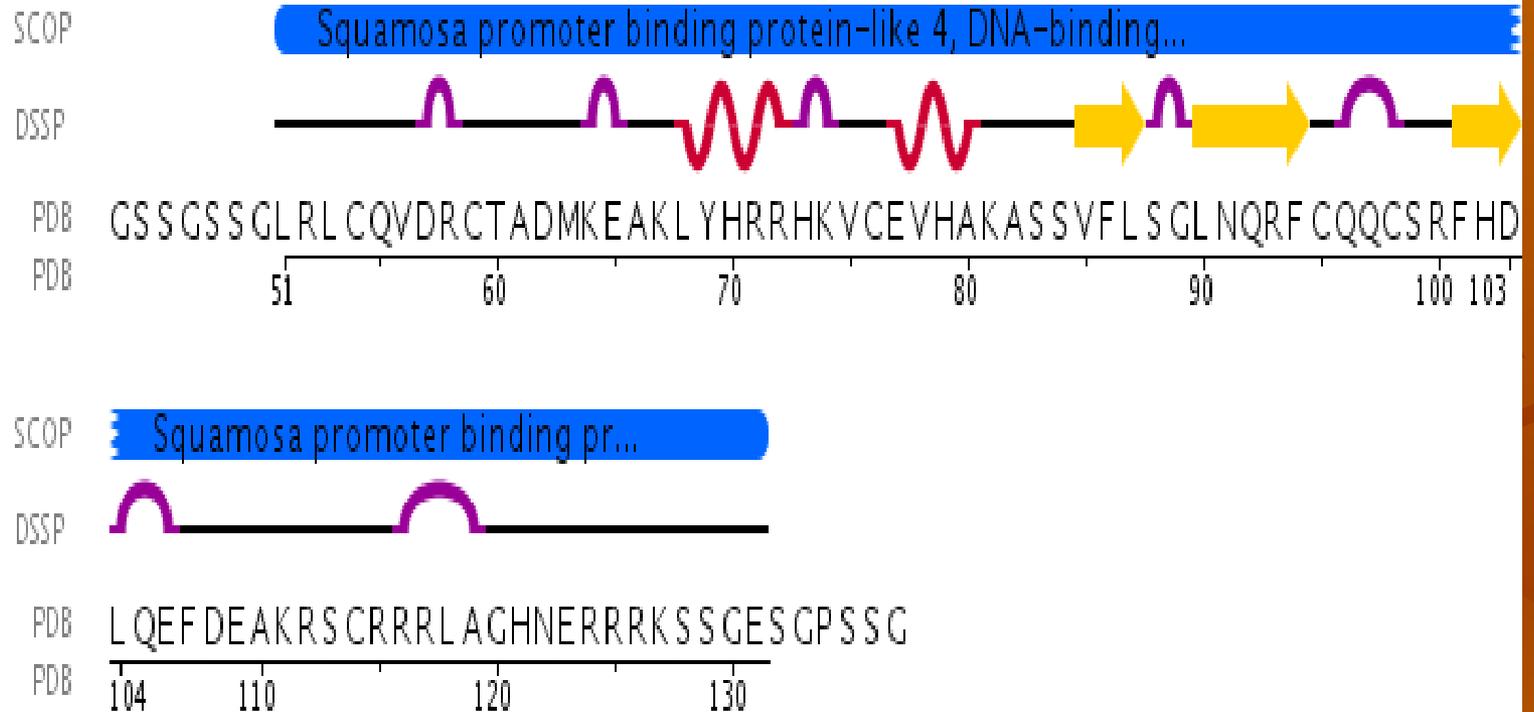
- 可知在前半段45-50那段为核定位信号。

二级结构分析

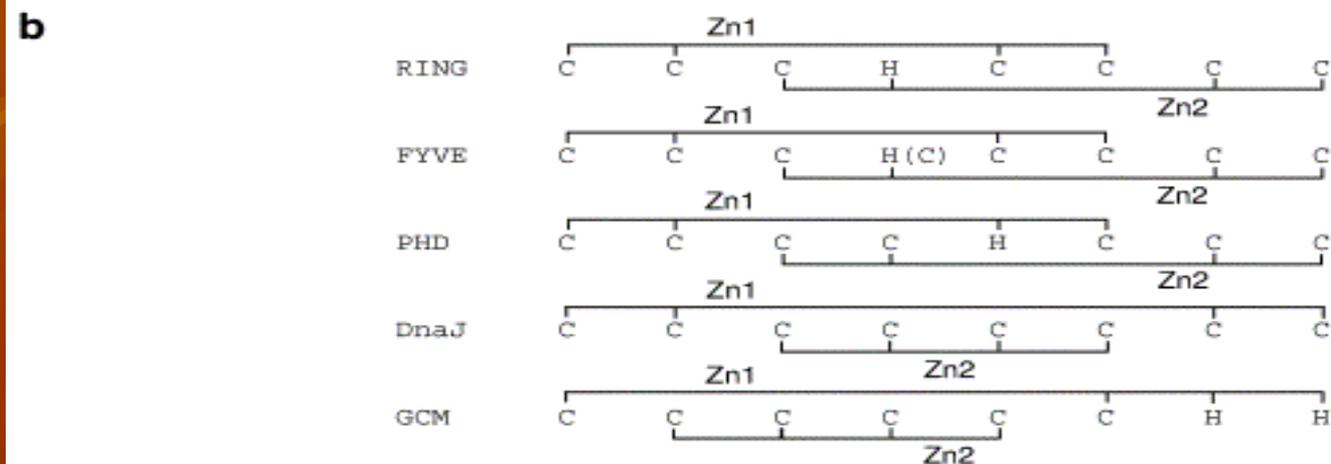
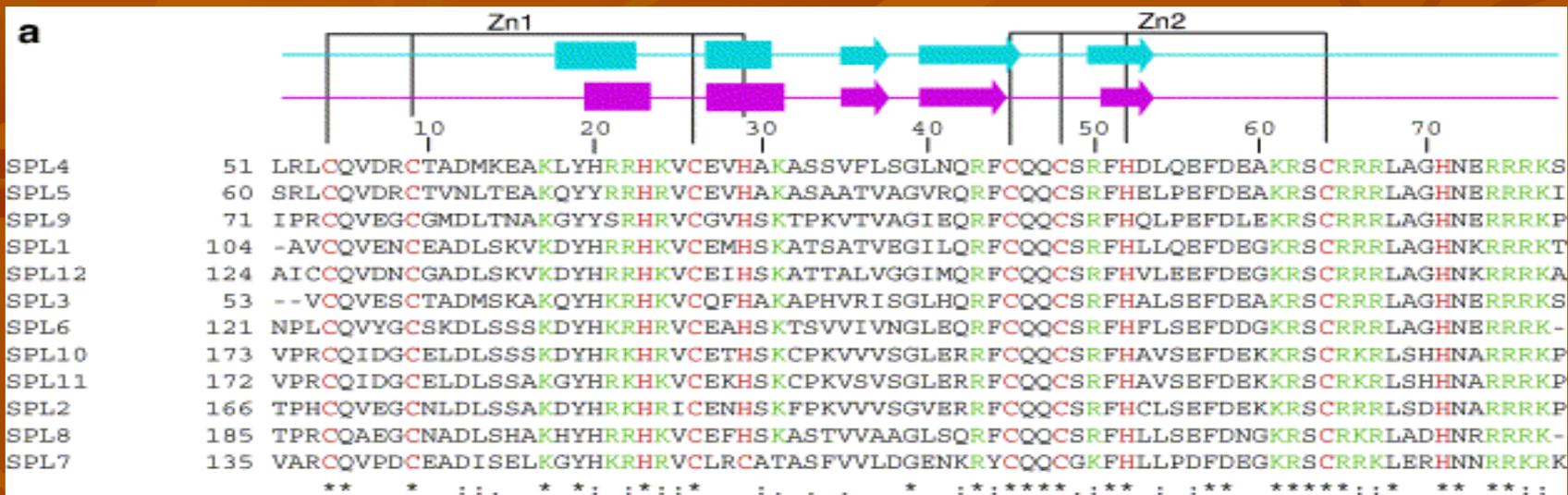
. garnier 显示二级结构

```
      .   10   .   20   .   30   .   40   .   50
      MQEEEEEGVGGDHGFPDDEK KKKGYGRRGAAGGGGGVSPACQVEKCGLD
helix  HHHHHHHHH      HHHHHH      HH
sheet                EEEEE      EEEEE
turns      TT      TTTT      TTTT  TT      T
coil      CCCC      C      CCC
      .   60   .   70   .   80   .   90   .  100
      LSDAKRYHRRHKVCEIHAKAPFVVVAGLRQRFCQQCSRFHELPEFDEAKR
helix  HHHHHHHH      HHHHHHHH      HH      HHHHHHHH
sheet                EEEE
turns      TTTT      TTTTTTTTTTTT
coil      CCC
```

结构直观图

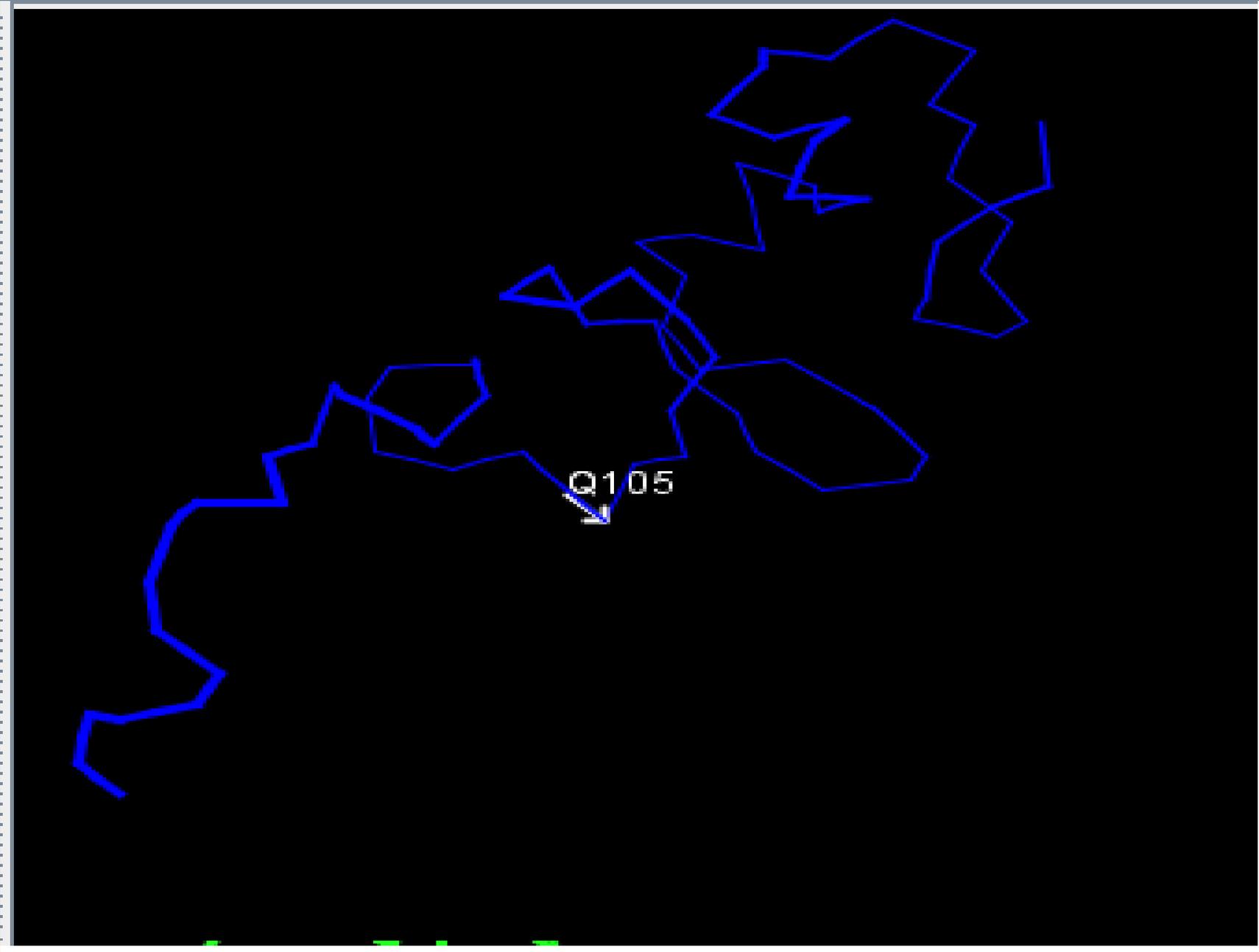


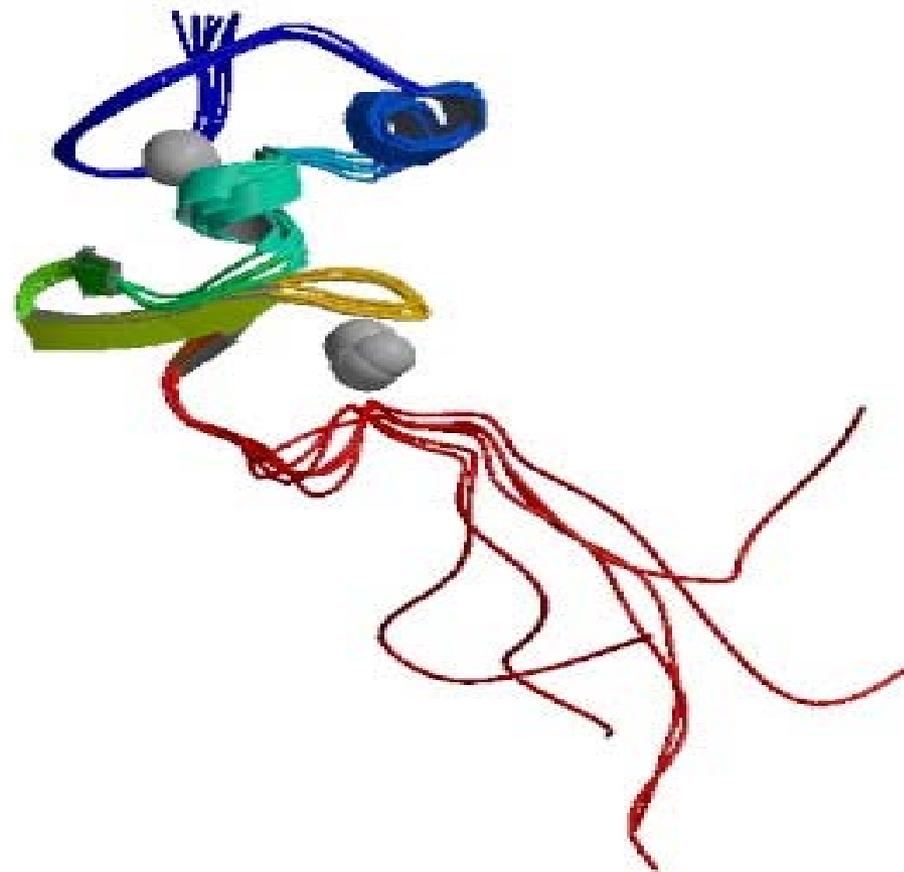
二级结构中的作用位点



三、蛋白的三级结构







总结

- 1、通过序列对比发现Q5U8L4拥有与其它SBP相似的保守序列，有两个锌离子结合位点。
- 2、SBP与其它的锌指结构的不同在于基序是连续的。
- 3、不足之处是此转录因子的功能有待验证。

谢谢大家