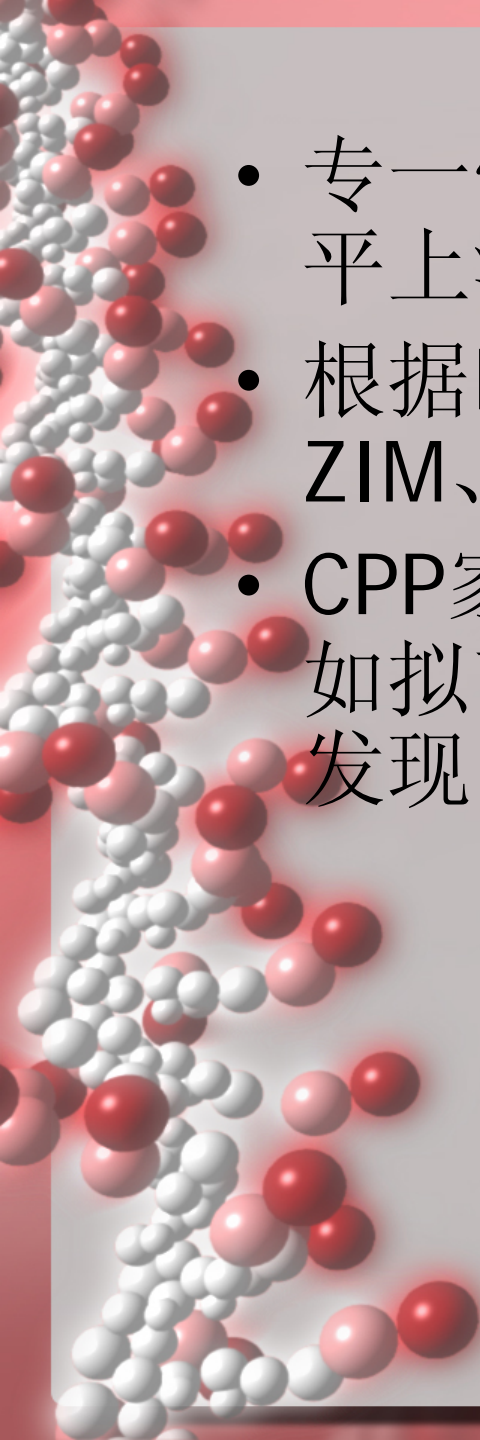
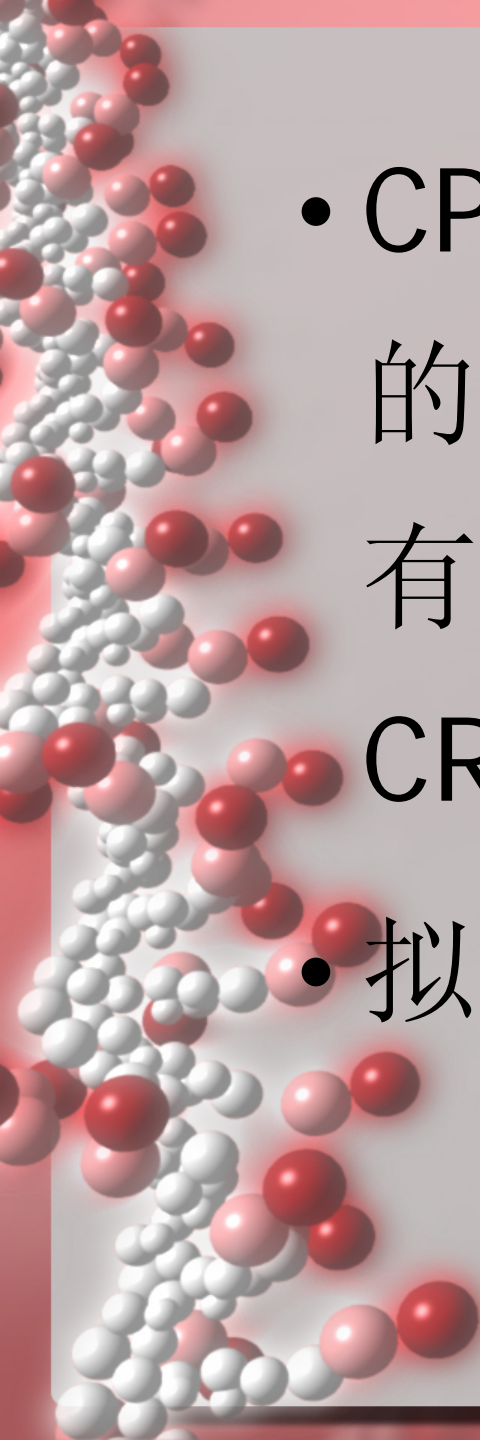


水稻转录因子**CPP**家族的 生物信息学分析

Caas08f2d组

组员：王辉、王凯、汤艳
东、李丽、邢秀皎、孟萌、汪
洋、何宇、韩焘
报告人：王凯

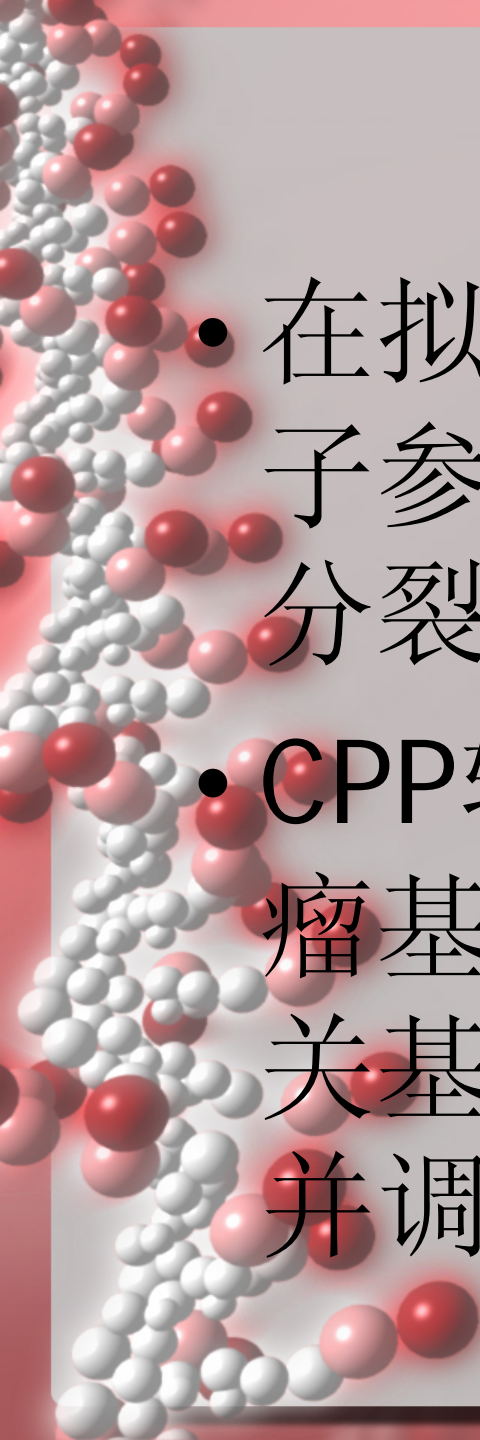
- 
- 专一性结合于DNA特定序列，能在转录水平上激活或抑制基因表达的蛋白质。
 - 根据DNA结合功能域不同，分为SBP、ZIM、C2C2-GATA、ABI3-VP1等家族。
 - CPP家族目前在植物和动物中都有发现，如拟南芥、线虫、小鼠和人等，酵母中没发现。



- CPP转录因子有两个富含Cys的DNA结合域C1和C2，中间有一段高度保守序列R，称CRC结构域。

- 拟南芥和线虫中R域为：

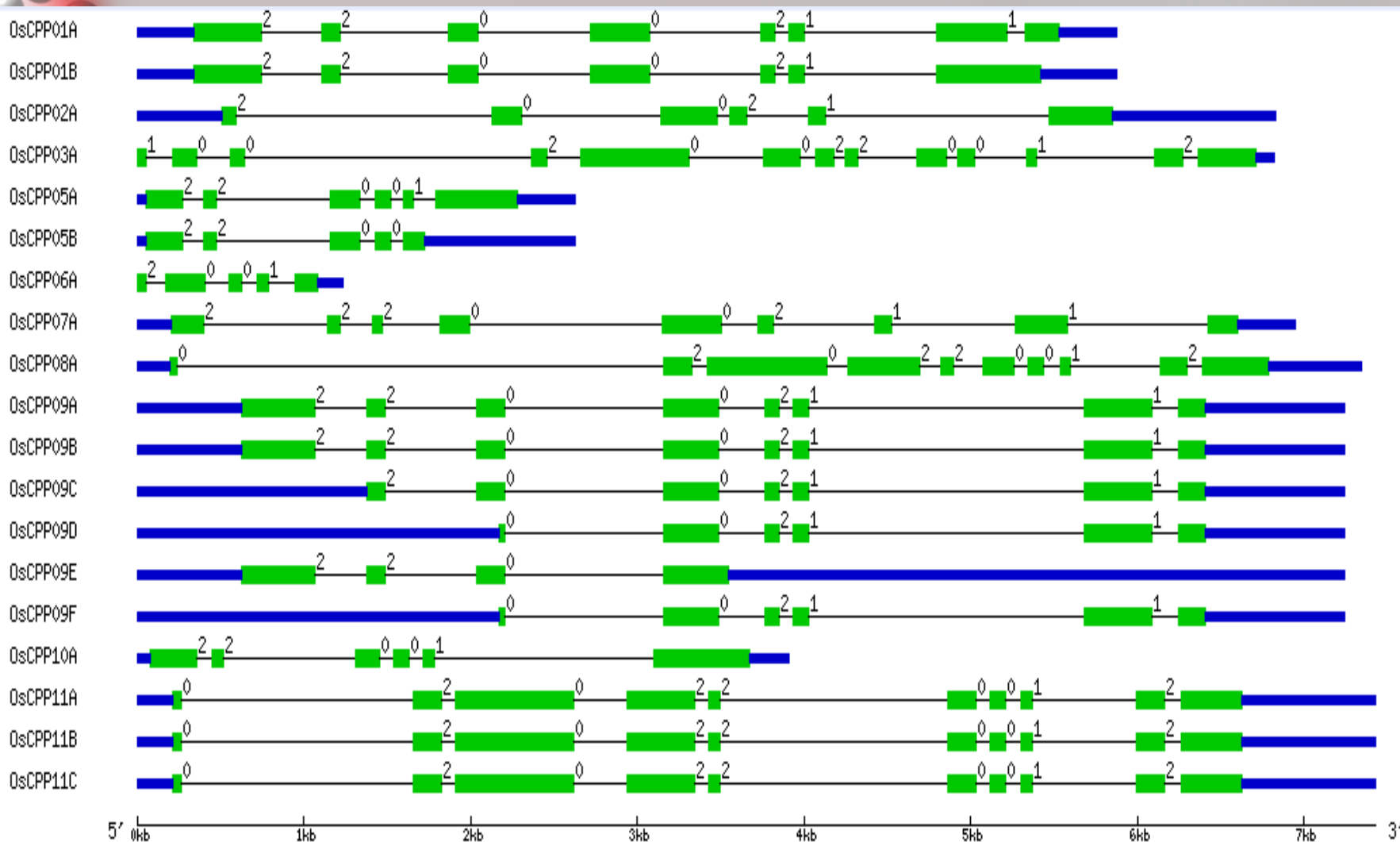
I
C1-RNPLAFAPK-C2
N

- 
- 在拟南芥中还发现CPP转录因子参与细胞的形态发育和有丝分裂等。
 - CPP转录因子还能与根瘤菌结瘤基因、哺乳动物生殖发育相关基因等基因的启动子相结合并调控其表达。

水稻11个CPP转录因子基因CDS及其 16个不同的剪接体

No	Name	TIGR locus ID	Refseq ID	N	GenPet ID	L	TIGR ID
1	OsCPP01A	Os01g55580.1	NM_001050856.1	8	NP_001044321.1	620	13101.t04892
2	OsCPP01B	Os01g55580.2	NM_001050856.1	7	NP_001044321.1	620	13101.t04892
3	OsCPP02A	Os02g17460.1	NM_001056734.1	8	NP_001057547.1	487	13102.t01551
4	OsCPP03A	Os03g43730.1	NM_001073757.1	13	NP_001067225.1	758	13103.t03768
5	OsCPP04A	Os04g09560.1		5	NP_187136.3	148	13104.t00785
6	OsCPP05A	Os05g43380.1	NM_001062537.1	6	NP_001056002.1	375	13105.t03865
7	OsCPP05B	Os05g43380.2	NM_001062537.1	5	NP_001056002.1	231	13105.t03865
8	OsCPP06A	Os05g51040.1		6	NP_187136.3	195	13105.t04587
9	OsCPP07A	Os06g22670.1	NM_001064082.1	9	NP_001057547.1	519	13106.t02084
10	OsCPP08A	Os07g07974.1	NM_001065553.1	11	NP_001059018.1	783	13107.t00681
11	OsCPP09A	Os08g28214.1	NM_001068192.1	9	NP_001061657.1	599	13108.t02584
12	OsCPP09B	Os08g28214.2	NM_001068192.1	8	NP_001061657.1	451	13108.t02584
13	OsCPP09C	Os08g28214.3	NM_001068192.1	5	NP_001061657.1	370	13108.t02584
14	OsCPP09D	Os08g28214.4	NM_001068192.1	6	NP_001061657.1	370	13108.t02584
15	OsCPP09E	Os08g28214.5	NM_001068192.1	4	NP_001061657.1	370	13108.t02584
16	OsCPP09F	Os08g28214.6	NM_001068192.1	6	NP_001061657.1	370	13108.t02584
17	OsCPP10A	Os12g41210.1	NM_001073755.1	6	NP_001067223.1	408	13112.t03809
18	OsCPP11A	Os12g41230.1	NM_001073757.1	10	NP_001067225.1	761	13112.t03811
19	OsCPP11B	Os12g41230.2	NM_001073757.1	10	NP_001067225.1	761	13112.t03811
20	OsCPP11C	Os12g41230.2	NM_001073757.1	10	NP_001067225.1	761	13112.t03811

水稻CPP转录因子基因结构分析

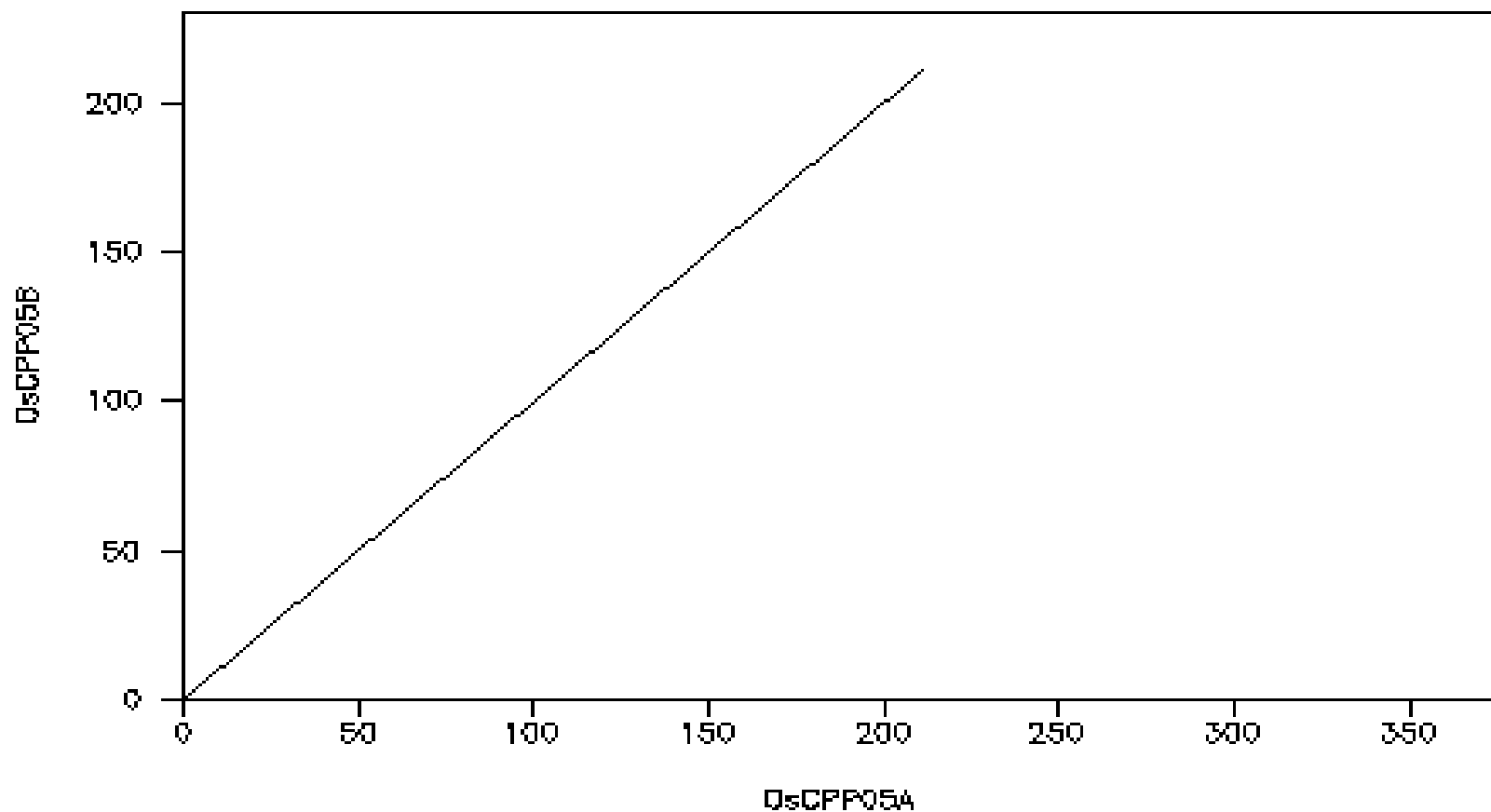


Legend:

█ exon
 █ marked region
 — intron
█ UTR
 0 1 2: intron phase

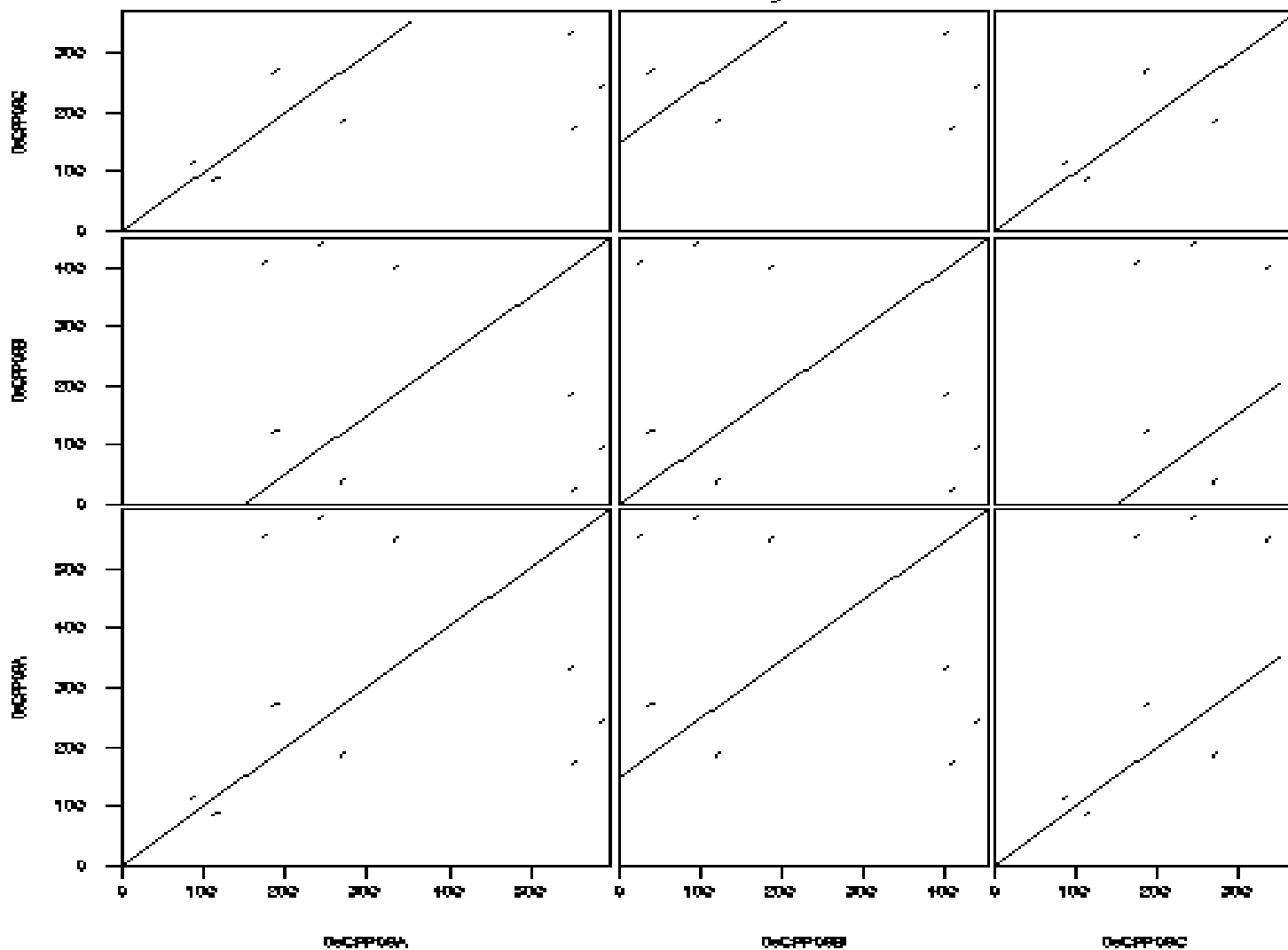
水稻CPP转录因子Os05g43380的两个剪接体分析

dotpath (07-Mar-2009)



水稻CPP转录因子Os08g28214的三个剪接体

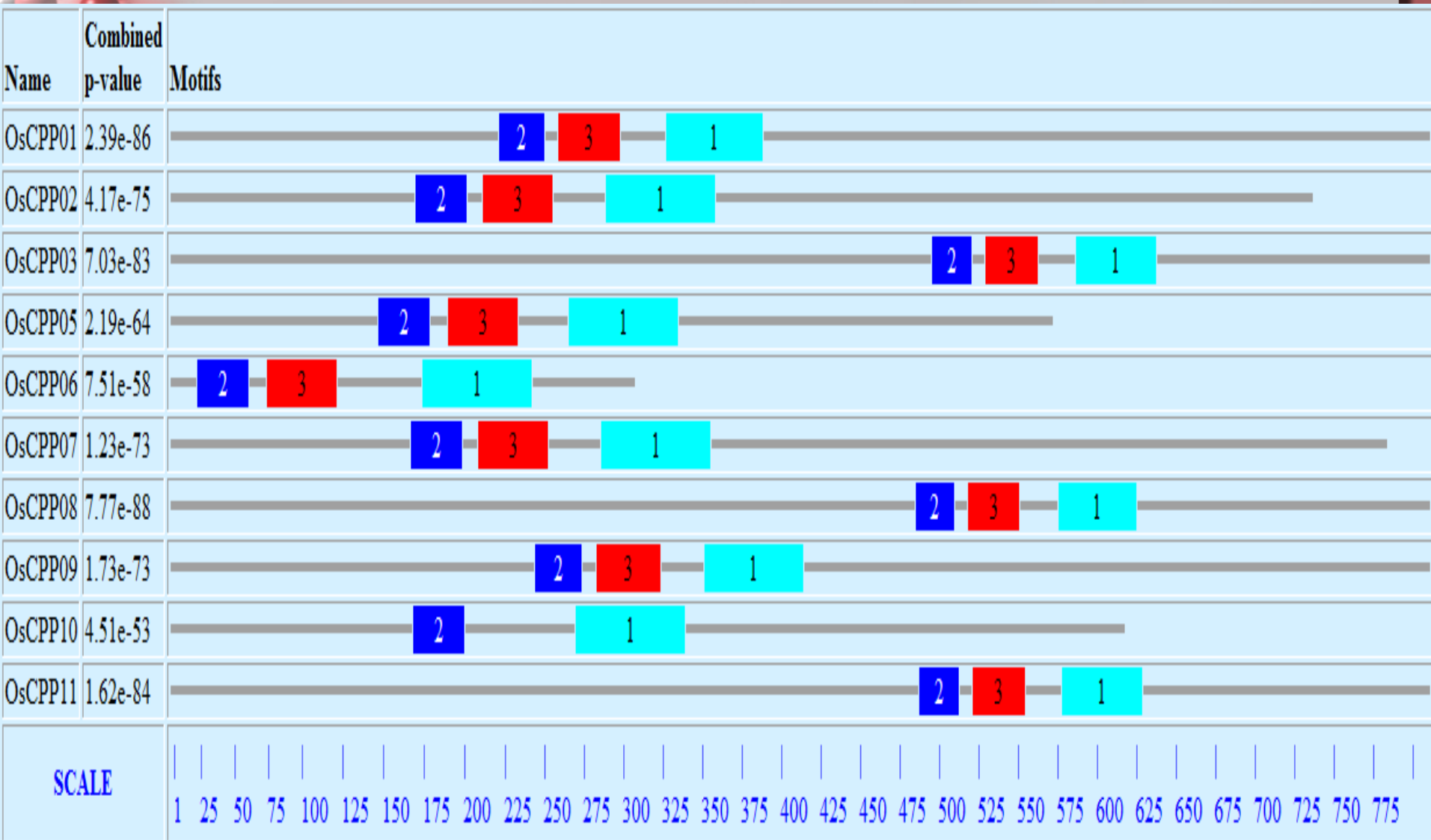
Polydot:



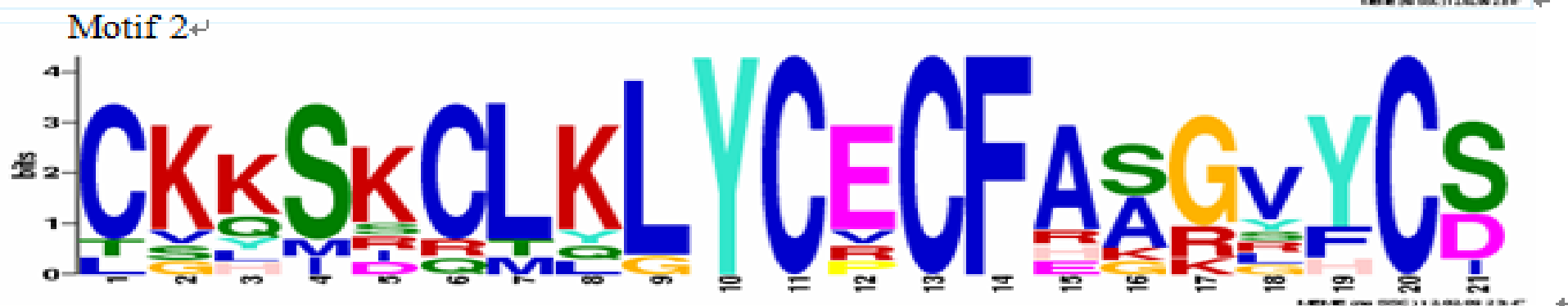
No.	Length	Lines	Points	Sequence
1	599	28	1506	OsCPP08A
2	431	24	1184	OsCPP08B
3	370	19	982	OsCPP08C

polydot.1.png

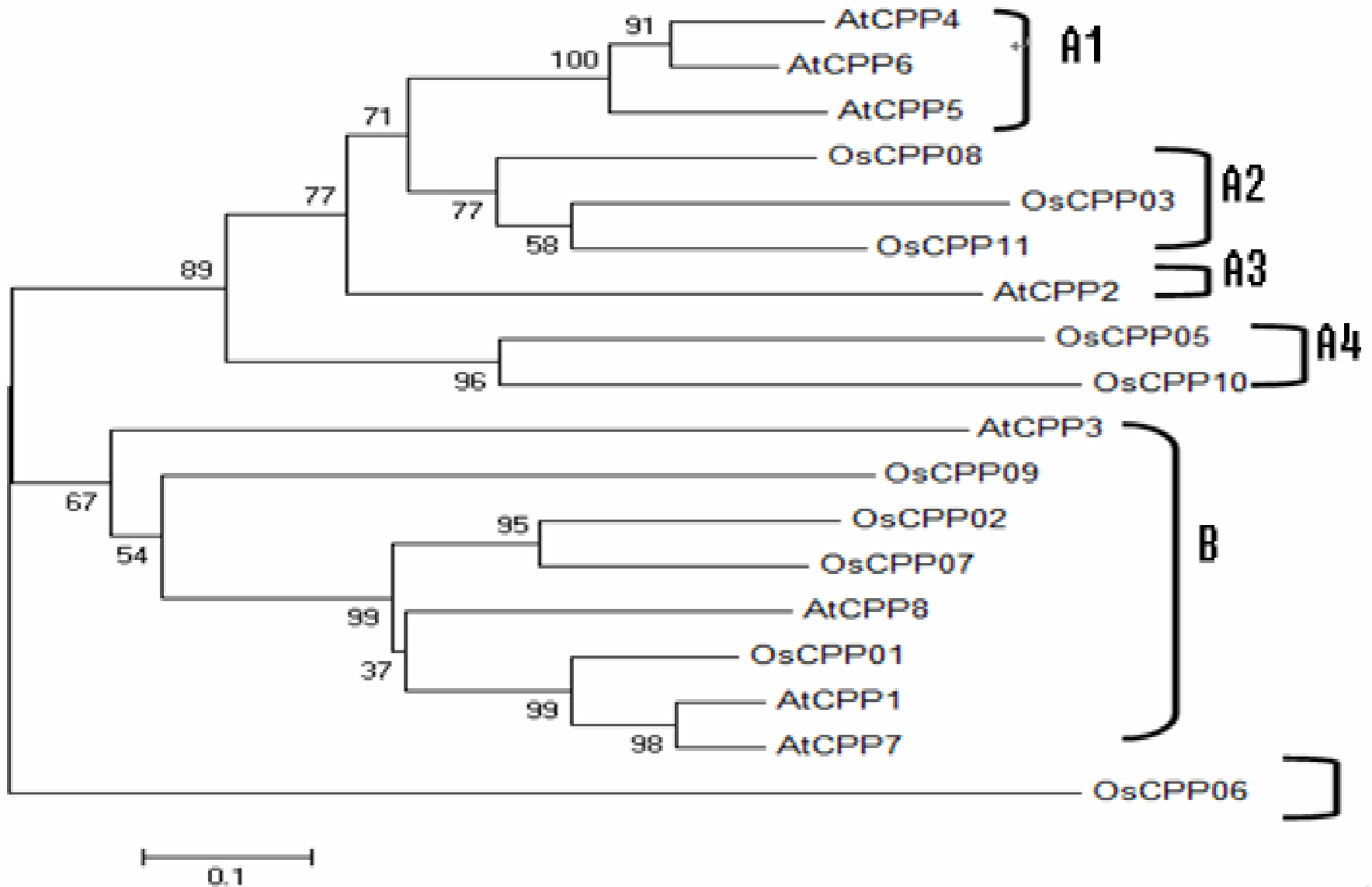
水稻SBP转录因子保守结构域识别



9个水稻CPP转录因子3个保守Motif的序列图标



水稻和拟南芥转录因子**CPP**家族系统发育树分析



水稻转录因子CPP家族基因EST 的表达分析

表 2 水稻转录因子 CPP 家族基因 ESTs 的表达情况

Gene	Numbers of ESTs	Tissue				
		Callus	Root	Leaf	Pollination pistil	Apical meristem
OsCPP01	6	+				
OsCPP02	2	+				
OsCPP03	1				+	
OsCPP04	0					
OsCPP05	16	+	+	+	+	
OsCPP06	0					
OsCPP07	0					
OsCPP08	63	+	+		+	
OsCPP09	17	+	+		+	
OsCPP10	3		+	+	+	
OsCPP11	46	+	+		+	+

Os01g55580.1 化学修饰位点

修饰类型	N-糖基化位点	蛋白激酶 C 磷酸化位点	酪氨酸激酶 II 磷酸化位点	蛋白质豆蔻化位点	酰胺化位点
个数	3	8	5	8	2
位置	187-190 197-200 523-526	140-142 157-159 199-201 323-325 336-338 377-379 486-488 596-588	336-339 440-443 457-460 472-475 476-479	185-190 310-315 341-346 434-439 435-440 464-469 465-470 603-608	410-413 426-429



下一步工作设想:

- 对水稻和拟南芥转录因子CPP家族进行全面的系统进化比较分析（双子叶植物和单子叶植物CPP转录因子家族的系统进化分析）。

参考文献

- 罗静初, 拟南芥SBP转录因子基因家族分析
- Guo AY, *et al.* (2008) *Gene*, 418:1–8
- Yang Z *et al.* (2008) *Gene* 407:1–11
- Riechmann JL *et al* (2000) *Science*, 290:2105–2110
- Cvitanich C, *et al.* (2000) *PNAS*, 97:8163–8168
- Hauser BA, *et al.* (2000) *Development* 127:2219-2226.