



小麦TaELP4蛋白功能探索

Putative Roles of Elongator complex protein 4 in *Triticum aestivum*

报 告 人：王 开

邮 箱：18211084814@163.com

组 号：G04B

研 究 所：作物科学研究所

报告时间：2017-12-13



汇报提纲

1. 研究背景
2. **Sequence blast**
3. 研究进展



1、Elongator的研究背景

- I. **Elongator** 是RNA聚合酶II的互作蛋白，由6个亚基组成两个大的复合体，其中ELP1—ELP3是核心复合物，ELP4-ELP6是辅助复合物；
- II. **Elongator**参与各种细胞过程，包括组蛋白修饰，tRNA修饰，胞吐， α -tubulin乙酰化等；
- III. **Elongator**在SA和JA/ET介导的防御响应中扮演重要作用，同时已有文献证明SA和JA/ET路径参与寄主植物对纹枯病菌的抗性。



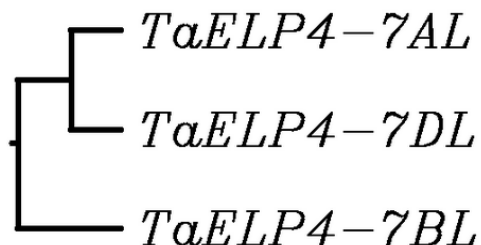
2. Sequence Blast-氨基酸和核苷酸

表1: TaELP4-7AL、TaELP4-7BL、TaELP4-7DL氨基酸序列比对结果

TaELP4	得分 Score	相同氨基酸 Identity	相同/相似氨基酸 Similarity	空位 Gaps
7AL/7BL	1896	369/385(96%)	378/385(98%)	0/385(0%)
7AL/7DL	1917	376/385(98%)	380/385(98%)	1/385(0%)
7BL/7DL	1885	370/385(96%)	375/385(97%)	1/385(0%)

表2: TaELP4-7AL、TaELP4-7BL、TaELP4-7DL编码区核苷酸序列比对结果

TaELP4	得分 Score	相同核苷酸 Identity	相同/相似核苷酸 Similarity	空位 Gaps
7AL/7BL	5268	1100/1158 (95.0%)	1100/1158 (95.0%)	0/1158 (0.0%)
7AL/7DL	5467	1122/1158 (96.9%)	1122/1158 (96.9%)	3/1158 (0.3%)
7BL/7DL	5323	1106/1158 (95.5%)	1106/1158 (95.5%)	3/1158 (0.3%)





2. Sequence Blast-同源基因

blastP搜索Uniprot数据库:

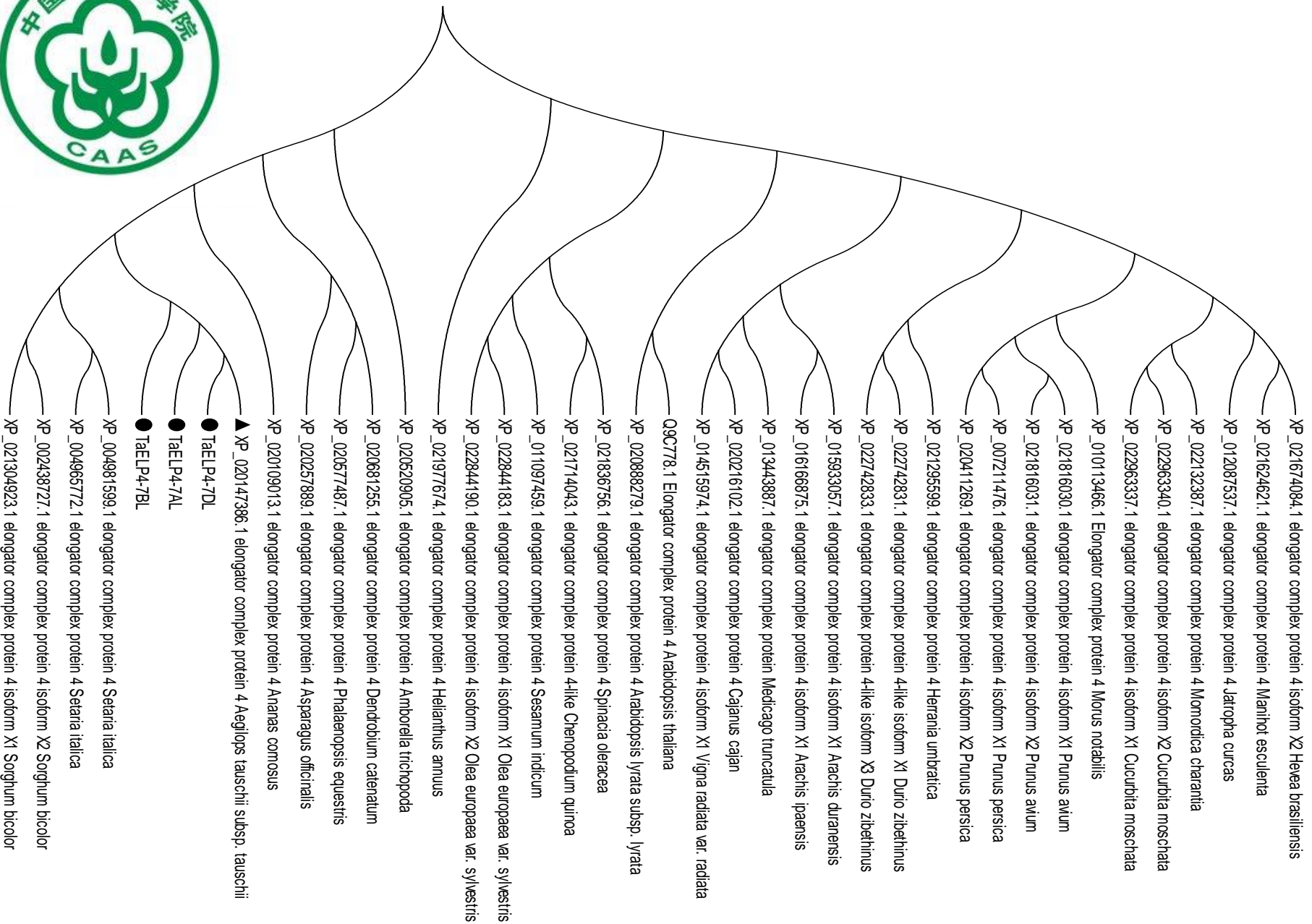
表3: TaELP4-7AL、TaELP4-7BL、TaELP4-7DL与拟南芥AtELP4蛋白质序列比对结果

TaELP4/AtELP	得分 Score	相同氨基酸 Identity	相同/相似氨基酸 Similarity	空位 Gaps
7AL/AtELP4	1011.0	219/387 (56.6%)	267/387 (69.0%)	34/387 (8.8%)
7BL/AtELP4	1007.5	220/387 (56.8%)	269/387 (69.5%)	34/387(8.8%)
7DL/AtELP4	1012.5	219/386 (56.7%)	267/386 (69.2%)	33/386 (8.5%)

blastX搜索RefSeq数据库中同源基因:

Identity>56%且注释为elongator complex 4的共计36条,包括节节麦、水稻、玉米、高粱、狗尾草、南瓜、木豆、拟南芥等单子叶和双子叶植物。

图1: MEGA6构建系统发生树 (物种树)





2. Sequence Blast-AetELP4与TaELP4

表4: TaELP4-7AL、TaELP4-7BL、TaELP4-7DL与节节麦AetELP4蛋白质序列比对结果

TaELP4/AetELP	得分 Score	相同氨基酸 Identity	相同/相似氨基酸 Similarity	空位 Gaps
7AL/AetELP4	1896	373/385(97%)	379/385(98%)	1/385(0%)
7BL/AetELP4	1877	369/385(96%)	376/385(97%)	1/385(0%)
7DL/AetELP4	1917	376/384(98%)	379/384(98%)	0/384(0%)



2. Sequence Blast-总结

1. TaELP4的三个拷贝氨基酸序列(>96%)和编码区核苷酸序列(>94%)高度相似。
2. TaELP4与拟南芥AtELP4相似性为69%，且进化树分析证明TaELP4在单子叶植物中更保守，功能可能与双子叶植物存在差异。
3. TaELP4与节节麦AetELP4是同源基因，氨基酸序列相似性>96%，ELP4在小麦进化过程中是保守的。



3、 研究进展-文献检索

NCBI--PubMed—advanced—“plant”and“elongator”—save—MyNCBI—Collections--“elongator 33 items”

图2： NCBI文件检索结果

Collection Name	Items	Settings/Sharing	Type
Favorites	edit 0	Private	Standard
My Bibliography	edit 0	Private	Standard
Other Citations	edit 0	Private	Standard
elongator 33 items	edit 33	Private	PubMed

[Manage Collections »](#)

UniProt: [Elongator mediates ABA responses, oxidative stress resistance and anthocyanin biosynthesis in Arabidopsis. 2009 Oct, Plant J](#)

PredictProtein: [The Arabidopsis ELP3/ELO3 and ELP4/ELO1 genes enhance disease resistance in Fragaria vesca L. 2017 Dec 1, BMC Plant Biol](#)



3、 研究进展-Uniprot

Uniprot--ELP4: 208条信息，其中Swiss-Prot注释的41条，TrEMBL未注释的167条。在注释的41条中：

表5: Swiss-Prot检索结果

	ELP1	ELP2	ELP3	ELP4	ELP5	ELP6	假阳性
信息数目	6	5	5	12	5	5	3



3、 研究进展-Uniprot

表6: 12条不同物种中的ELP4蛋白信息

No.	Entry name	gene names	organism	中文名称	英文名称	length
1	ELP4_HUMAN	ELP4 C11orf19,PAXNEB	Homo sapiens	人类	Human	424
2	ELP4_ARATH	ELP4 ELO1, At3g11220,F11B9.14	Arabidopsis thaliana	拟南芥	Mouse-ear cress	355
3	ELP4_YEAST	ELP4 HAP1, TOT7,YPL101W	Saccharomyces cerevisiae	酿酒酵母	Baker's yeast	456
4	ELP4_DICDI	Elp4 DDB_G0278783	Dictyostelium discoideum	粘液菌	Slime mold	439
5	ELP4_DANRE	elp4 si:dkey-157g7.1, zgc:112389	Danio rerio	斑马鱼	Zebrafish	397
6	ELP4_SCHPO	Elp4 SPCC11E10.06c	Schizosaccharomyces pombe	裂殖酵母	Fission yeast	361
7	ELP4_MOUSE	Elp4 Paxneb	Mus musculus	小鼠	Mouse	422
8	ELP4_DROME	CG6907	Drosophila melanogaster	果蝇	Fruit fly	437
9	ELP4_BOVIN	ELP4	Bos taurus	牛	Bovine	423
10	ELP4_CAEEL	elpc-4 C26B2.6	Caenorhabditis elegans	秀丽隐杆线虫	Caenorhabditis elegans	334
11	ELP4_CAEBR	elpc-4 CBG17740	Caenorhabditis briggsae	隐杆线虫	Caenorhabditis briggsae	333
12	ELP4_XENLA	elp4	Xenopus laevis	非洲爪蛙	African clawed frog	408



3、 研究进展-Uniprot

图3： 系统发生树构建





3、 研究进展-Uniprot

表7: UniProt中AtELP4/AtELO1蛋白信息

分子功能	AtELO1是RNA聚合酶II延伸复合物的一个亚单位，延伸复合体是RNA聚合酶II的乙酰转移酶组分，参与转录延伸。AtELO1通过修饰细胞分裂参与器官发育，可能参与碳同化和糖转运过程。通过对ABA信号的抑制参与种子萌发和幼苗生长。是生长素信号和分布所必须的，参与氧化胁迫信号，抑制花青苷累积。
亚细胞定位	通过序列相似性注释在细胞核中
组织表达特异性	在根系的分生组织、叶片、茎、幼苗、子叶、花、角果、保卫细胞、茎尖、花芽中表达。
结构、功能域	RNA聚合酶II延伸复合物（elongator）由6个亚基组成，ELP1/ELO2，ELP2,ELP3/ELO3，ELP4/ELO1，ELP5，ELP6，ELP4与ELP6互作，具有P-loop_NTPase。
代谢通路、调控网络	ABA、生长素激活的信号路径，组蛋白H3/H4乙酰化，负调控花青苷代谢过程，调节碳利用、叶片发育，参与氧化胁迫、转录延伸。
突变株表型	由于细胞分化速率减少和顶端优势减少导致叶片细长根系生长减少，种子吸胀后延迟萌动。高蔗糖浓度处理时萌发增强和抑制叶片生长，种子萌发和幼苗生长对ABA高度敏感。对甲基紫精介导的氧化胁迫高抗，甲基紫精能抑制光合作用过程中的电子转移，积累花青素。
参考文献	<ul style="list-style-type: none"> · "The elongata mutants identify a functional Elongator complex in plants with a role in cell proliferation during organ growth." Nelissen H., Fleury D., Bruno L., Robles P., de Veylder L., Traas J., Micol J., Van Montagu M., Inze D., Van Lijsebettens M., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 102:7754-7759(2005) [PubMed] · "Cytological investigations of the Arabidopsis thaliana elo1 mutant give new insights into leaf lateral growth and Elongator function." Falcone A., Nelissen H., Fleury D., Van Lijsebettens M., Bitonti M.B., Ann. Bot. 100:261-270(2007) [PubMed] · "Elongator mediates ABA responses, oxidative stress resistance and anthocyanin biosynthesis in Arabidopsis." Zhou X., Hua D., Chen Z., Zhou Z., Gong Z., Plant J. 60:79-90(2009) [PubMed] · "Plant Elongator regulates auxin-related genes during RNA polymerase II transcription elongation." Nelissen H., De Groeve S., Fleury D., Neyt P., Bruno L., Bitonti M.B., Vandenbussche F., Van der Straeten D., Yamaguchi T., Tsukaya H., Witters E., De Jaeger G., Houben A., Van Lijsebettens M., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 107:1678-1683(2010) [PubMed]



3、 研究进展-总结

1. 检索到与TaELP4相关文献33篇以上
2. AtELP4功能注释作为研究TaELP4功能参考



玉米中油菜素内酯信号传导 关键转录因子ZmBZR1的初步分析

报 告 人：耿庆河

邮 箱：1064331611@qq.com

组 号：G04D

研 究 所：作物科学研究所

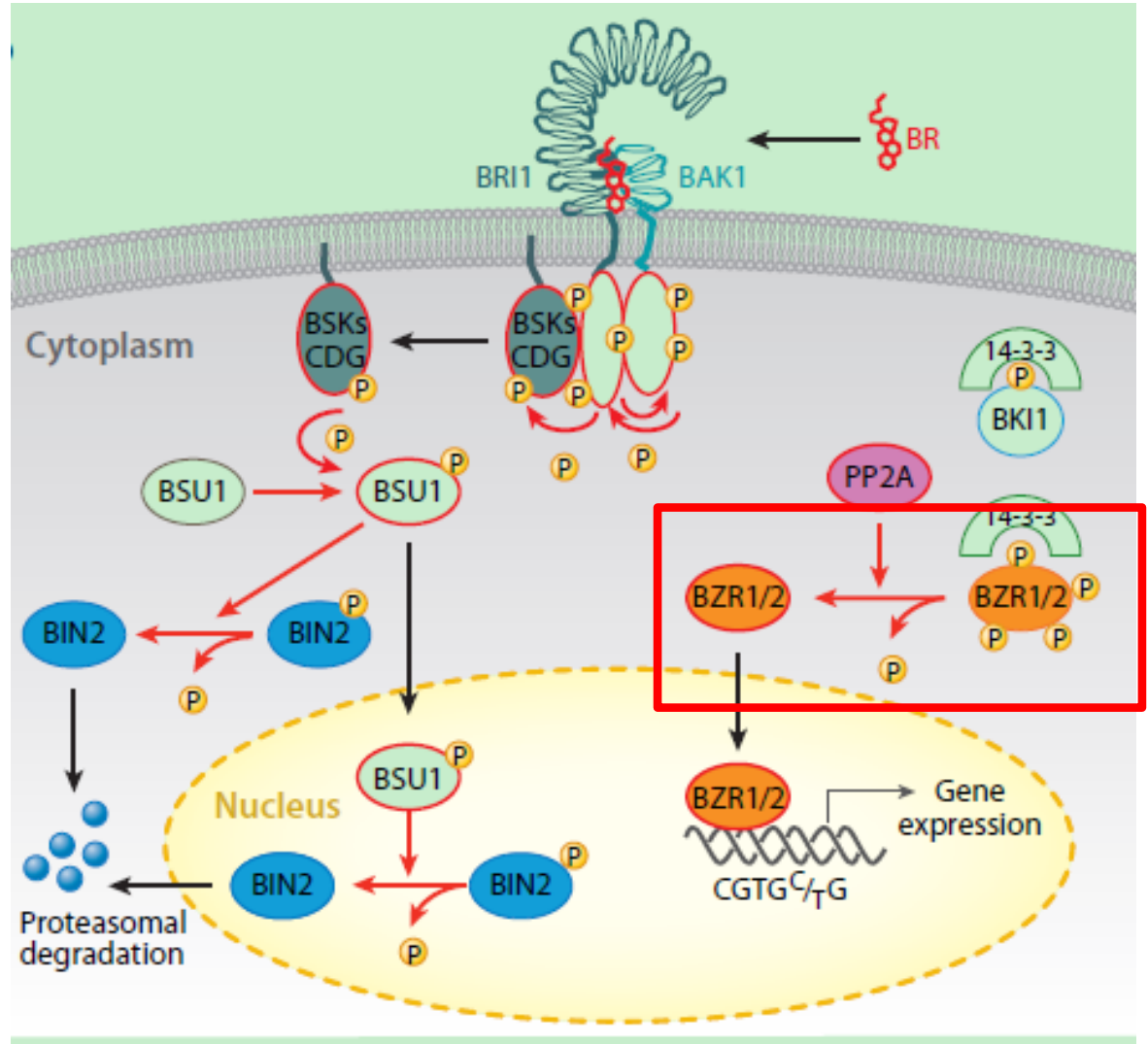
指导教师：罗静初

报告时间：2017-12-13



1.研究背景

BR (brassinosteroid) 经过一系列信号传导，最终导致 *BZR1/2* 的去磷酸化，*BZR1/2* 进入细胞核，调控下游基因的表达，参与 BR 相关的生物学调控



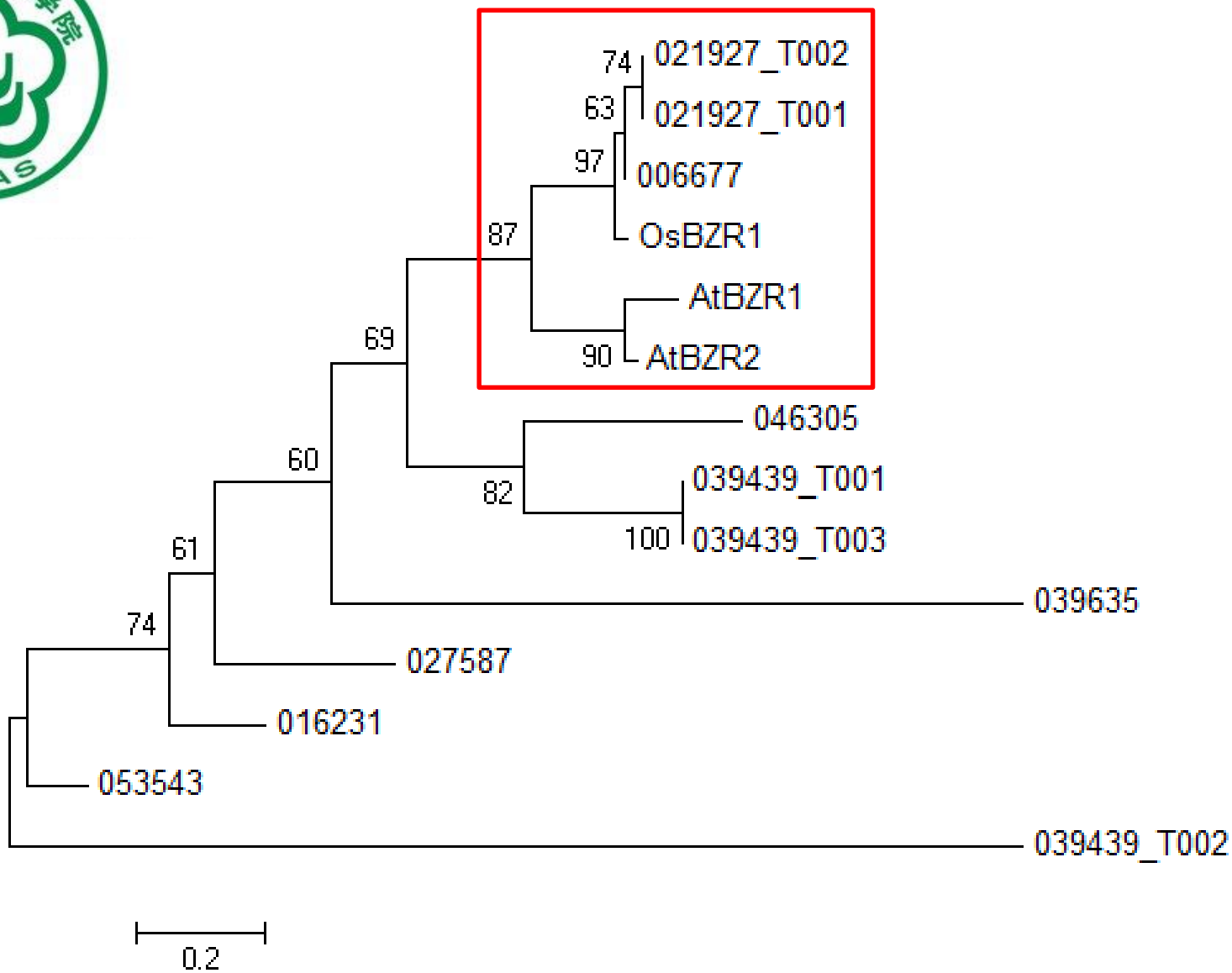
Source: Brassinosteroid Signaling Network and Regulation of Photomorphogenesis. Zhi-Yong Wang, et al.



玉米中*BZR1*同源基因

编号	位置	长度/aa	得分	相同比/%
Zm00001d006677	2:214087828-214088260	81	277	79.0
Zm00001d021927	7:165997700-165998134	81	275	77.8
Zm00001d046305	9:79549780-79551474	75	262	84.0
Zm00001d039439	3:4458916-4460193	72	242	80.6
Zm00001d027587	1:8496735-8496935	67	210	79.1
Zm00001d016231	5:151406064-151407020	75	190	66.7
Zm00001d053543	4:233529221-233529750	55	189	63.6
Zm00001d039635	3:9812591-9812728	46	147	58.7

At*BZR1*氨基酸序列搜索玉米基因组数据库: Gramene



进化树分析



```

AtBZR1      MTSDGATSTSAAAAAAAAAAAAARRKPSWRERENNRERRRRRAVAAKIYTGLRAQGDYNLP
OsBZR1      -----MTSGAAAAG-----RTPTWKERENNKRRRERRRRRAIAAKIFTGLRALGNYNLP
6677       -----MTSGAAAVGGLGRTPTWKERENNKRRRERRRRRAIAAKIFTGLRALGNYKLP
           :.:***..   *.*:*.******.*****:**:**:**:**:**:**

```

```

AtBZR1      KHCDNNEVLKALCVEAGWVVEEDGTTYRKGCKPLPGEIAGTSSRVTPYSS-QNQSPLSSA
OsBZR1      KHCDNNEVLKALCREAGWVVEDDGTTYRKGCKPPPSSAGGASVGMSPCSSTQLLSAPSSS
6677       KHCDNNEVLKALCREAGWVVEDDGTTYRKGCKPPPGM-----MSPCSSSQLLSAPSSS
           *****:*****:*****
           ::* ** * *. **:*

```

```

AtBZR1      FQSPIPSYQVSPSSSFPSPSRGEPNNN-----MSSTFFPFLRNGGIP
OsBZR1      FPSPVPSYHASPASSSFPSPSRIDNPS-----ASCLLPFLR--GLP
6677       FPSPVPSYHASPASSSFPSPTRLDHGSGSNSHTPGPAAAAAAAAAAAASSLLPFLR--G--
           * **:**:**..**:**:**:**:** : .           :* ::**:** *

```

蛋白序列比对，具有保守的DNA结合位点和磷酸化位点



谢谢！