

实用生物信息技术期末总结交流报告会

水稻锌转运蛋白 ZIP10 序列分析与结构预测

Sequence Analysis and Structure Prediction of
Zinc Transporter 10 in Rice

汇报人：雷梦雨

2021年5月11日

中国农业科学院研究生院2020级硕士班

邮箱：923558614@qq.com

4G09 小组成员

雷梦雨	基因组所	水稻籽粒锌离子累积相关基因的功能机制研究
于松淼	基因组所	鳞翅目昆虫ABC家族基因功能研究
苗玉乐	果树所	桃果实变面形成机制的研究

目录

- 1. 研究背景
- 2. zip10 特征分析
- 3. zip10 结构预测

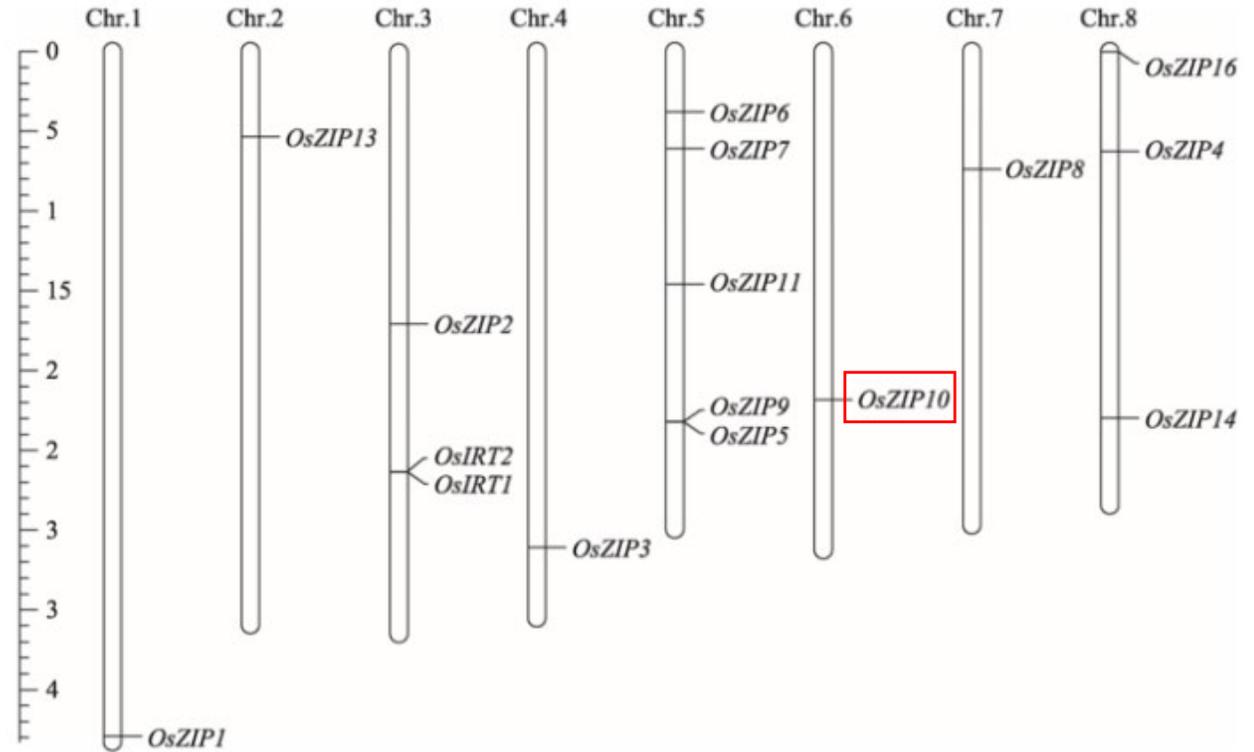
1. 研究背景

- 锌 (zinc, Zn) 和铁 (iron, Fe) 是水稻 (*Oryza sativa* L.) 生长必需的矿质元素,也是人体必需的微量元素。水稻体内 Zn、Fe 含量维持在适宜水平有利于提高其产量和品质,提高稻米中 Zn、Fe 含量能够在一定程度上解决人体 Zn、Fe 营养缺乏的问题。因此,研究水稻中 Zn 和 Fe 等微量元素转运蛋白的具体功能对于提高水稻产量和稻米品质具有重要意义。**锌铁转运蛋白** (zinc-regulated transporters and iron-regulated transporter-like protein, ZIP) 负责 Zn 和 Fe 等离子的吸收、转运和分配,是维持水稻中 Zn 和 Fe 平衡的重要转运蛋白,其表达水平受 Zn 和 Fe 水平影响。

- 锌 (Zn^{2+}) - 铁 (Fe^{2+}) 转运蛋白 (ZIP) 家族 (TC 2.A.5) 的成员由八个假定的跨膜螺旋蛋白组成。它们来源于动物、植物和酵母。它们组成了一个多样的家族，在任何一种生物体中都有几个类似体(例如，至少在秀丽隐杆线虫中有五个，在拟南芥中至少有五个，在酿酒酵母中有两个。两种酿酒酵母蛋白 Zrt1 和 Zrt2 可能都具有较高的转运 Zn^{2+} 的特异性，但 Zrt1 转运 Zn^{2+} 的亲合力是 Zrt2 的 10 倍。ZIP 家族的一些成员已经被证明可以运输 Zn^{2+} ，而其他的则可以运输 Fe^{2+} ，并且至少有一种可以运输一系列金属离子。用于运输的能量尚未确定其特点，但这些系统可能是次级运输工具。

ZIP 基因家族的结构特征和分布

- ZIP 转运蛋白包括锌调控转运蛋白（zinc-regulated transporter, ZRT）和铁调控转运蛋白（iron-regulated transporter, IRT）。目前已知水稻ZIP 基因家族包含 16 个成员,其中 14 个为锌调控转运蛋白基因, 2 个为铁调控转运蛋白基因。ZIP 基因家族成员在水稻 1~8 号染色体上均有分布。



- ZIP 转运蛋白一般由 326~425 个氨基酸残基组成，对水稻 ZIP 家族成员的氨基酸序列分析发现，多数 ZIP 转运蛋白含有 **8 个跨膜结构域**，而且在第 III 第 IV 跨膜区之间有一个位于胞内的富含组氨酸残基的 **可变区**，该区可能与金属离子的结合、转运有关。另外，金属离子和转运蛋白结合可形成八面体、四面体和平面等多种结构。

ZIP 基因家族生物学功能

- 对水稻 ZIP 家族大部分基因已进行了初步研究。利用酵母营养缺陷型突变体互补实验证明 OsIRT1、OsIRT2、OsZIP1、OsZIP3、OsZIP4、OsZIP5 和 OsZIP8 等家族成员均有转运 Zn、Fe 的功能。研究发现，OsZIP10 可能定位于叶绿体，其他 ZIP 转运蛋白主要定位于**细胞膜**，说明 ZIP 转运蛋白是金属离子跨膜转运的重要转运蛋白。

表1 水稻ZIP基因家族部分成员及可能的功能

Table 1 The potential function of OsZIP members

OsZIPs	表达部位	诱导条件	可能功能
OsZIP1	根和花穗	缺Zn	吸收和转运Zn,转运Cd
OsZIP2	根	缺Zn	吸收Fe
OsZIP3	各组织和茎节	无	Zn分配
OsZIP4	地上部和根	缺Zn	转运Zn
OsZIP5	根	缺Zn、Mn	吸收Zn
OsZIP6	地上部和根部	缺Zn、Fe、Mn	吸收Zn及向地上部转运
OsZIP7	地上部和根	缺Zn	-
OsZIP8	根和地上部	缺Fe	吸收和分配Zn
OsIRT1	根和茎的韧皮部	缺Fe	吸收和转运Fe、Zn、Cd
OsIRT2	根	缺Fe	吸收Fe,吸收和转运Cd

2.zip10 特征分析

UniProtKB - Q5Z653 (ZIP10_ORYSJ)

Display

 Help video

 BLAST

 Align

 Format

 Add to basket

 History

Entry

Publications

Feature viewer

Feature table

Protein | **Zinc transporter 10**

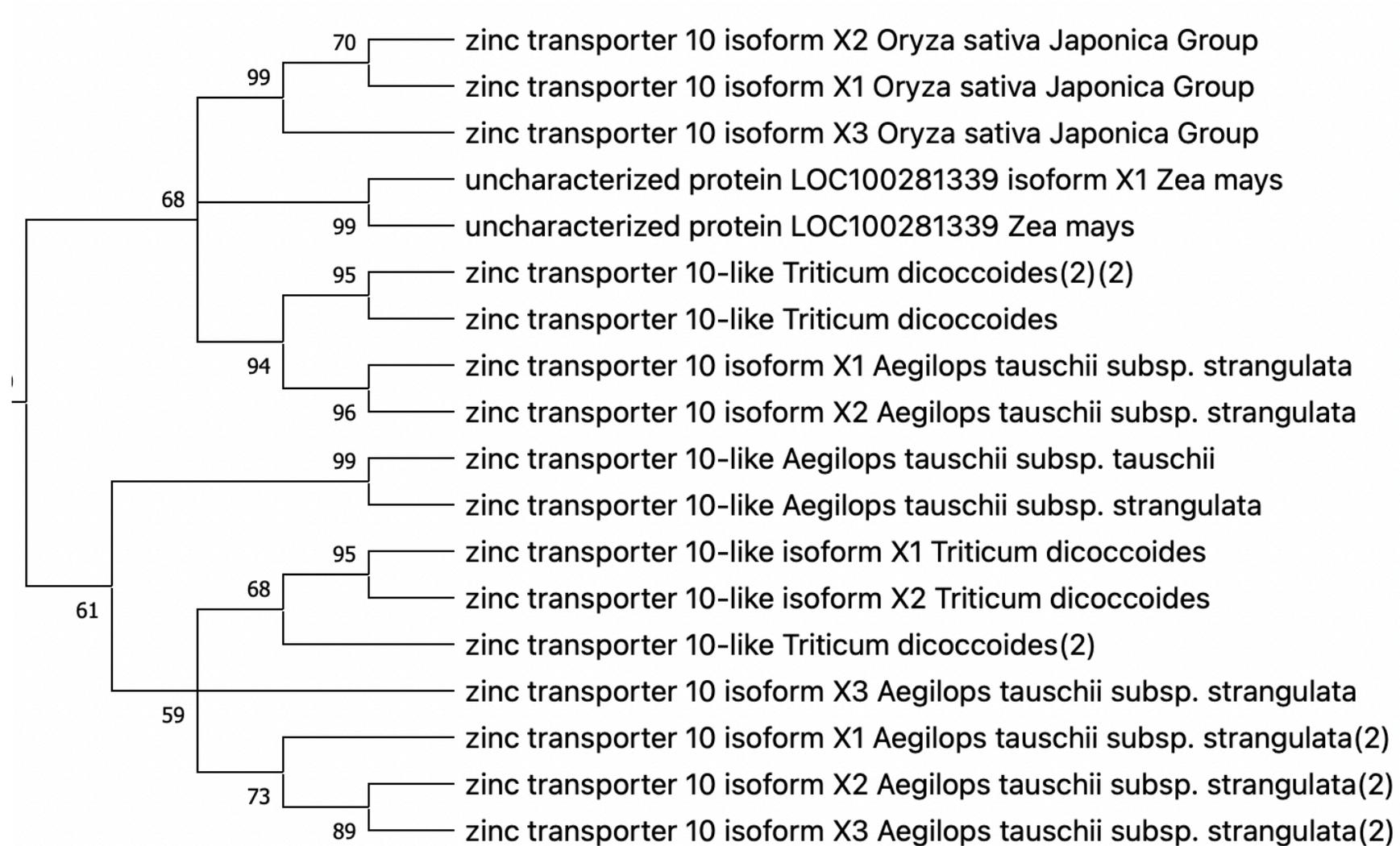
Gene | **ZIP10**

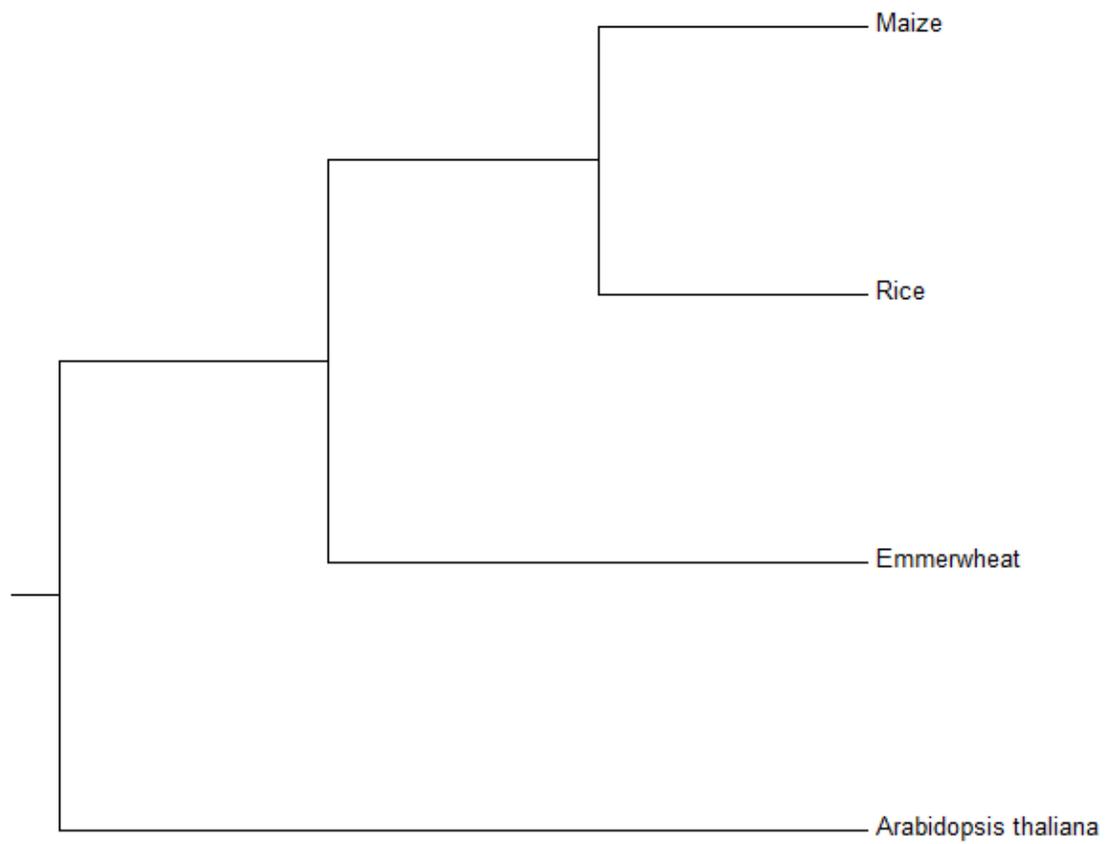
Organism | *Oryza sativa subsp. japonica (Rice)*

Status |  Reviewed - Annotation score: ●●●○○○ - Protein inferred from homologyⁱ

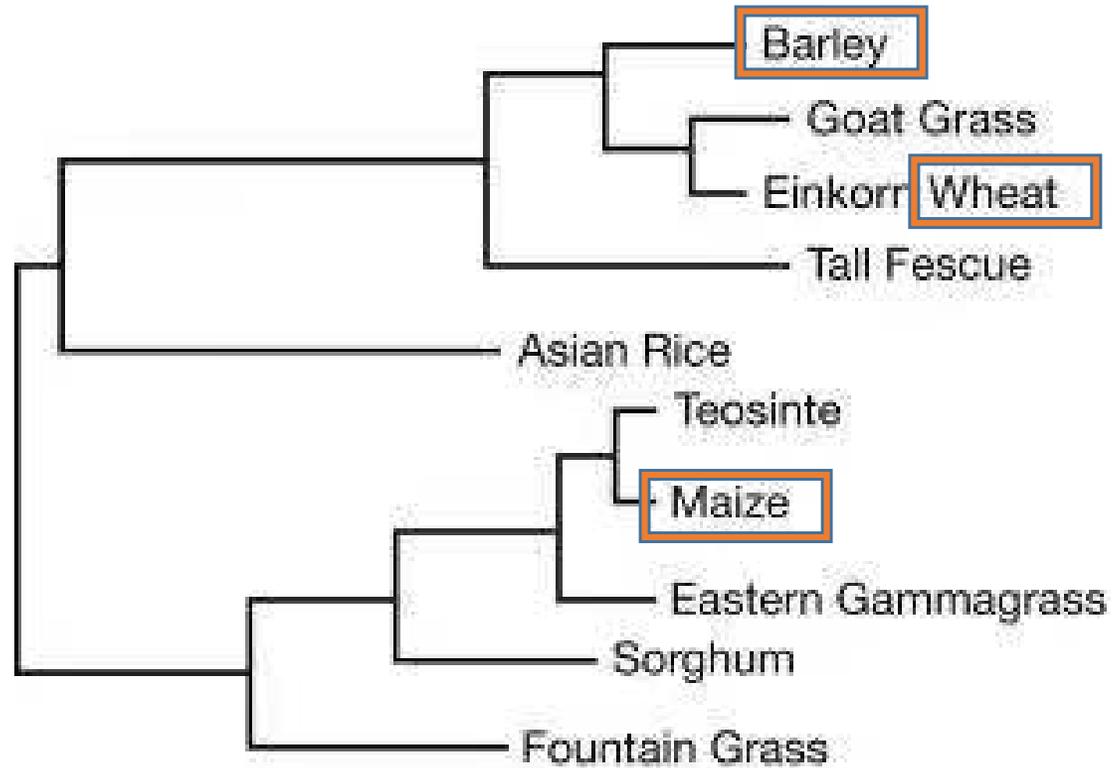
构建物种进化树

- 根据 zip10 序列使用 blastp 查找包括拟兰芥、大麦、小麦、玉米 rice (taxid:4530), maize (taxid:4577), Arabidopsis thaliana (taxid:3702), Triticodae (taxid:1648038), Hordeum vulgare (taxid:4513) 的相似序列，构建其物种进化树。





A phylogeny of diploid grass species

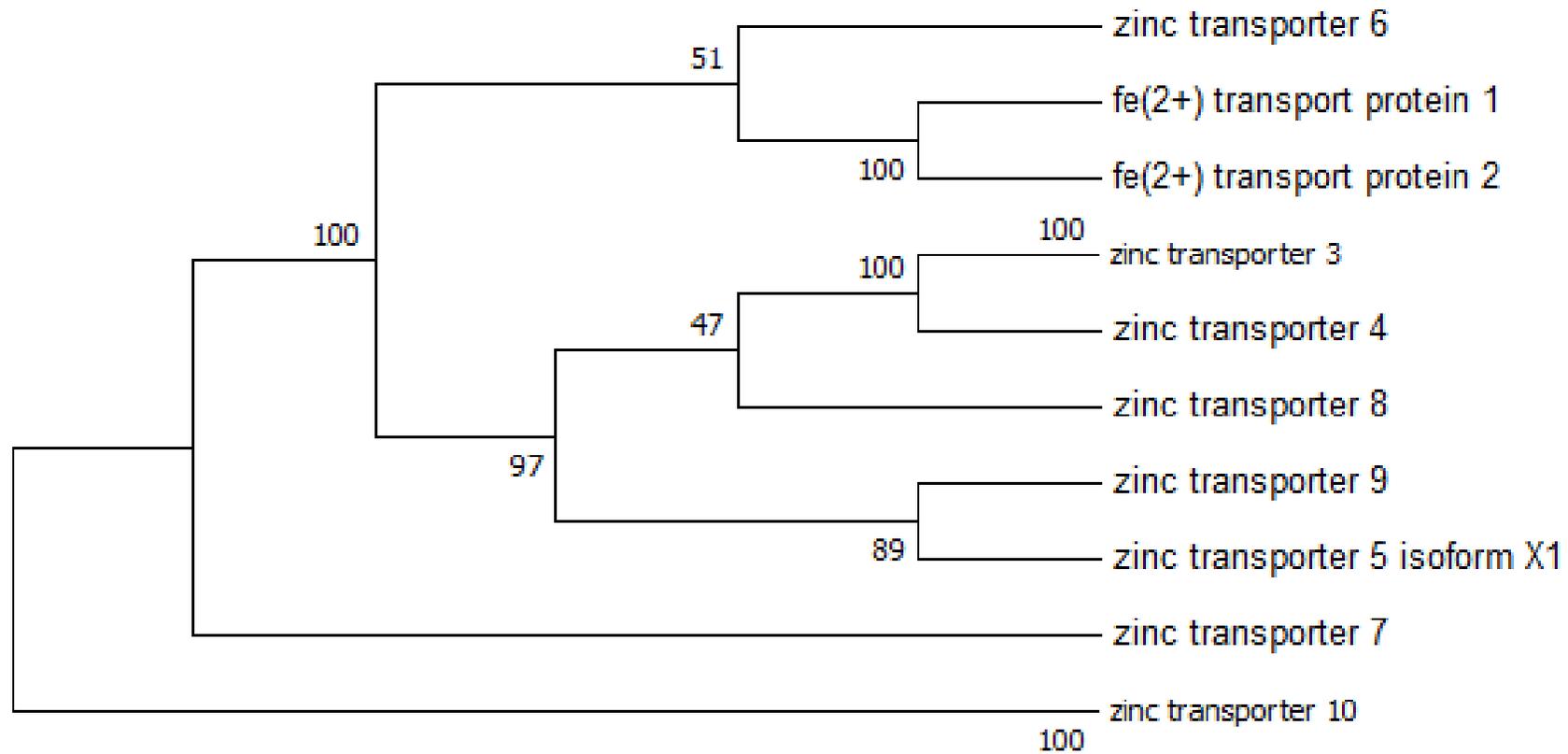


参考文献： Figure 1. A phylogeny of diploid grass species.

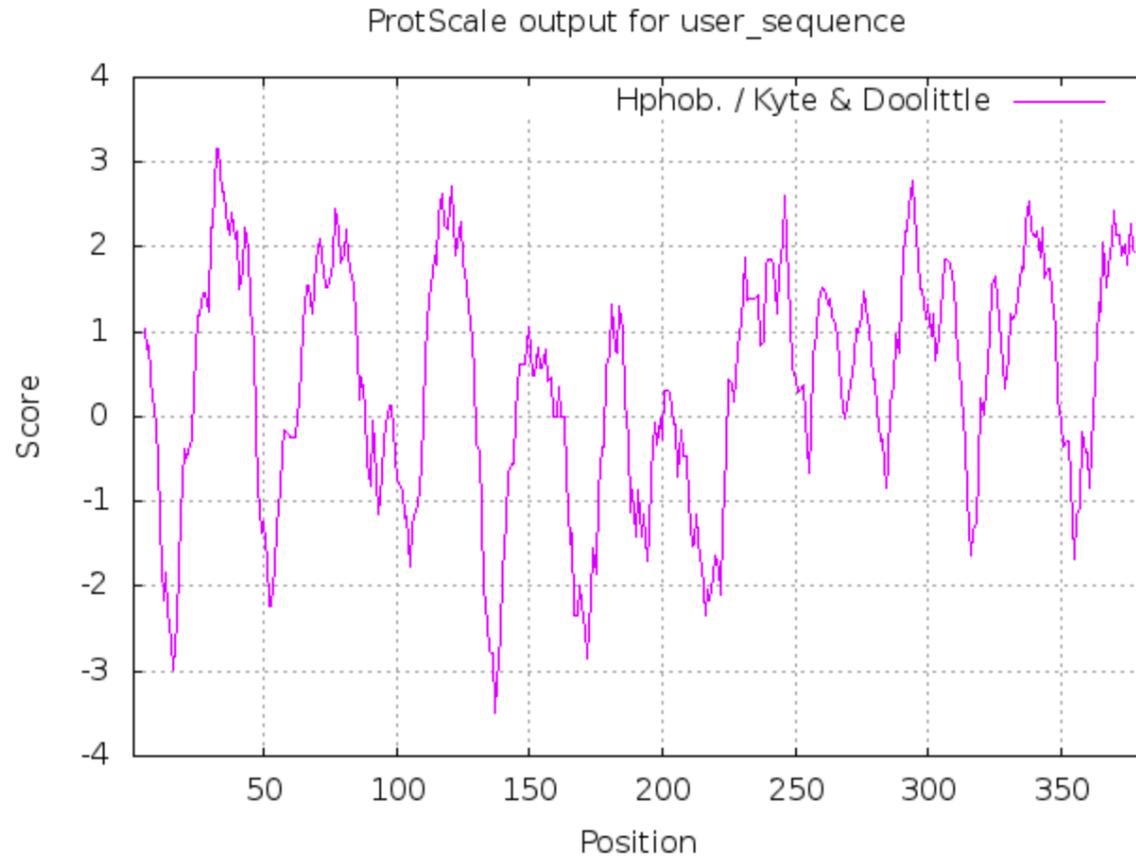
Adapted from Gaut BS, Le Thierry D'Ennequin M, Peek AS, and Sawkins MC (2000) Maize as a model for the evolution of plant nuclear genomes. PNAS 97: 7008–7015.

<http://dx.doi.org/10.1073/pnas.97.13.7008>.

水稻锌转运蛋白家族系统发生树



3.zip10 结构预测



使用 protscale 预测 zip10 的疏水结构域有七个，可推测其有七个跨膜结构域。



[Download](#) the data used to generate the domain graphic in JSON format.

Source	Domain	Start	End
low_complexity	n/a	3	8
low_complexity	n/a	17	34
Pfam	Zip	46	401
 transmembrane	n/a	50	69
low_complexity	n/a	51	70
 low_complexity	n/a	70	88
 transmembrane	n/a	89	110
transmembrane	n/a	130	151
low_complexity	n/a	136	147
coiled_coil	n/a	158	178
disorder	n/a	160	163
low_complexity	n/a	162	177
disorder	n/a	166	169
disorder	n/a	183	193
low_complexity	n/a	185	198
disorder	n/a	195	198
low_complexity	n/a	199	228
low_complexity	n/a	224	243
disorder	n/a	228	245
 transmembrane	n/a	311	333
 transmembrane	n/a	353	372
 transmembrane	n/a	384	403
low_complexity	n/a	389	404

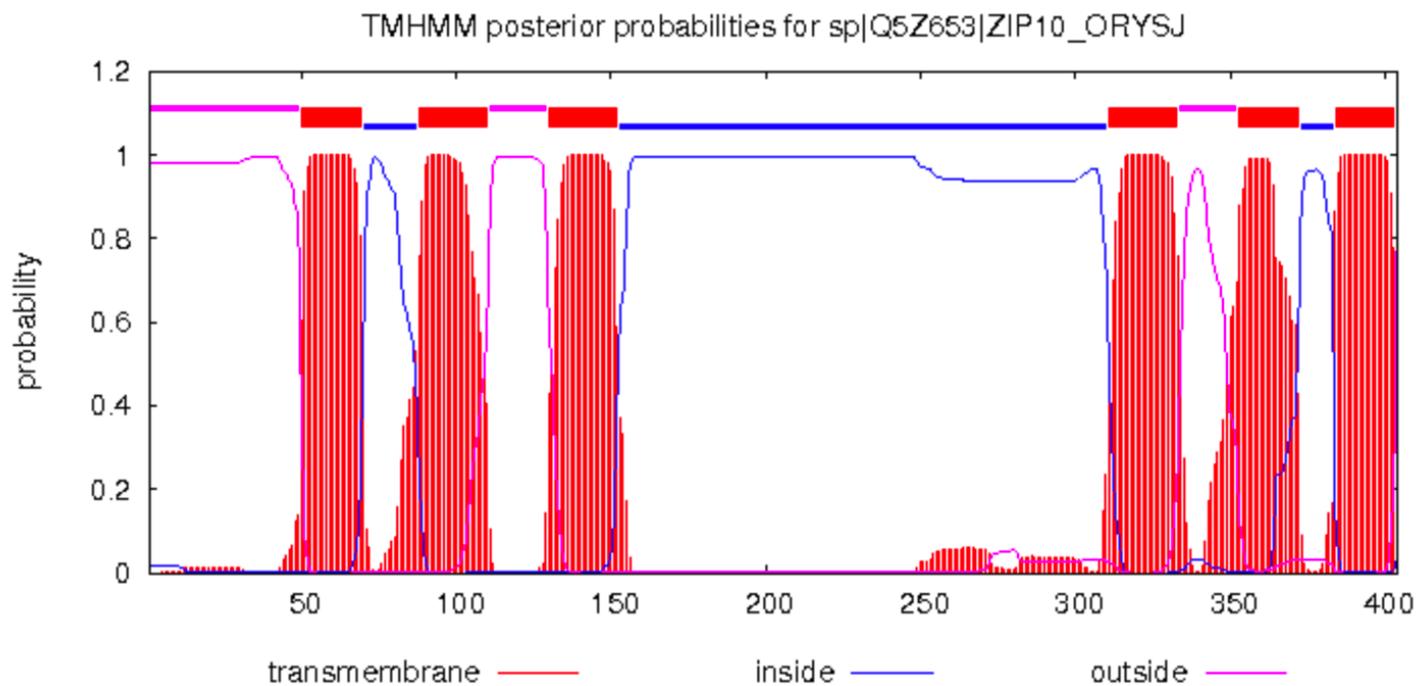
根据 pfam 资料预测，如图，有 6 个跨膜结构域。

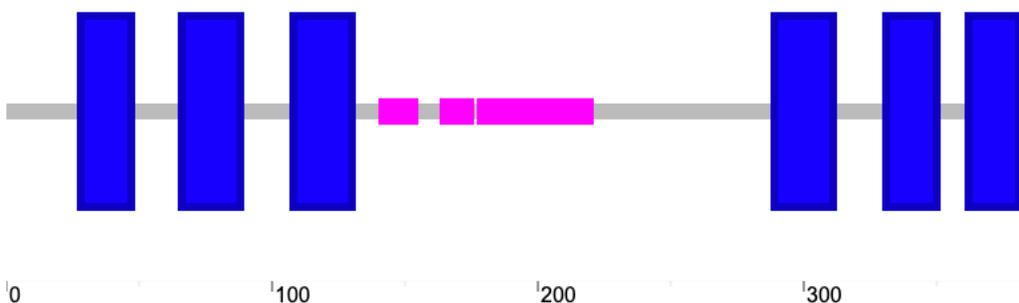
```

# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ Length: 404
# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ Number of predicted TMHs: 6
# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ Exp number of AAs in TMHs: 131.20936
# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ Exp number, first 60 AAs: 11.22899
# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ Total prob of N-in: 0.01752
# sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ POSSIBLE N-term signal sequence
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 outside 1 49
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 50 69
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 inside 70 87
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 88 110
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 outside 111 129
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 130 152
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 inside 153 310
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 311 333
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 outside 334 352
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 353 372
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 inside 373 383
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 TMhelix 384 403
sp|Q5Z653|ZIP10_ORYSJ TMHMM2.0 outside 404 404

```

根据 TMHMM 预测，如图，有 6 个跨膜结构域。





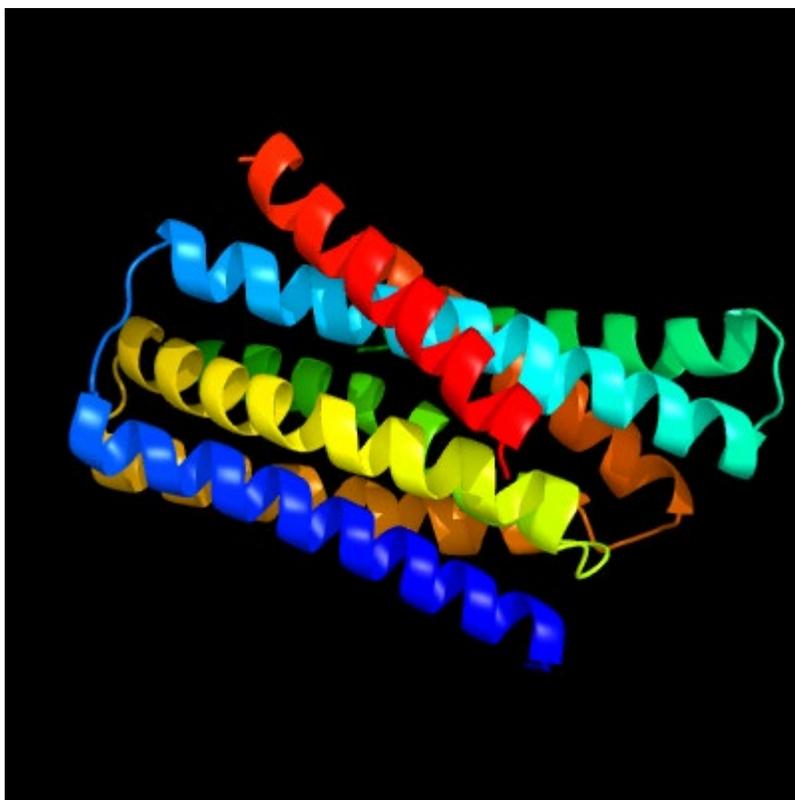
根据 SMART 预测，如图，有 6 个跨膜结构域。

Confidently predicted domains, repeats, motifs and features:

Name	Start ▲	End	E-value
transmembrane region	28	47	N/A
transmembrane region	66	88	N/A
transmembrane region	108	130	N/A
low complexity	140	155	N/A
low complexity	163	176	N/A
low complexity	177	221	N/A
transmembrane region	289	311	N/A
transmembrane region	331	350	N/A
transmembrane region	362	381	N/A

Click on a row to highlight the feature in the diagram above. Click the feature name for more information.

PHYRE2预测



Model (left) based on template [c5tsaA](#)

Top template information

PDB header: metal binding protein

Chain: A: **PDB Molecule:** membrane protein;

PDB Title: crystal structure of the zrt-/irt-like protein from bordetella2 bronchiseptica with bound zn2+

Confidence and coverage

Confidence:

100.0%

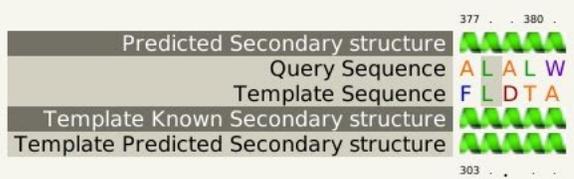
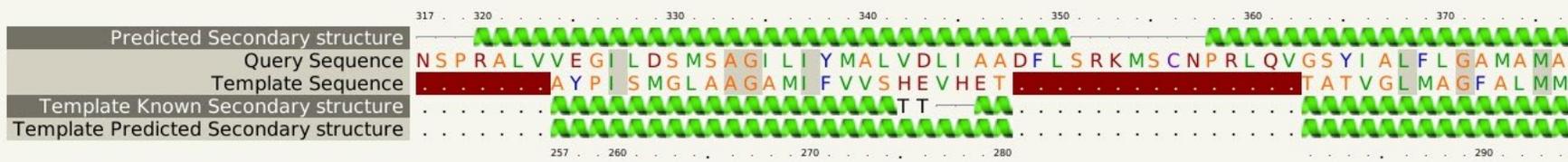
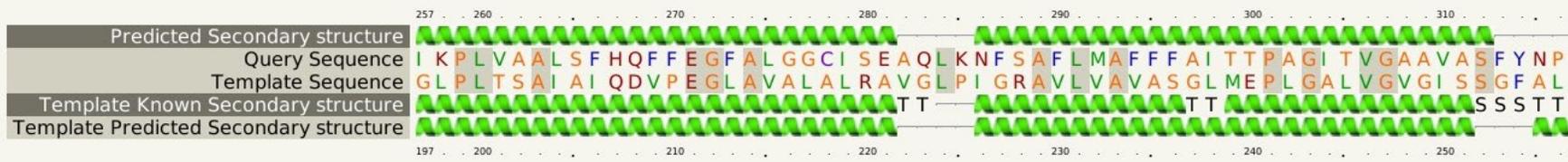
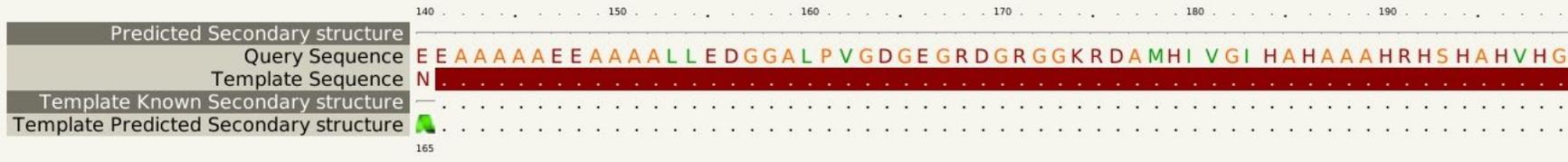
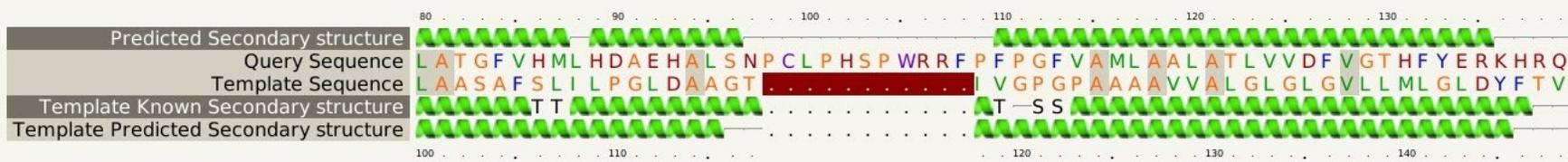
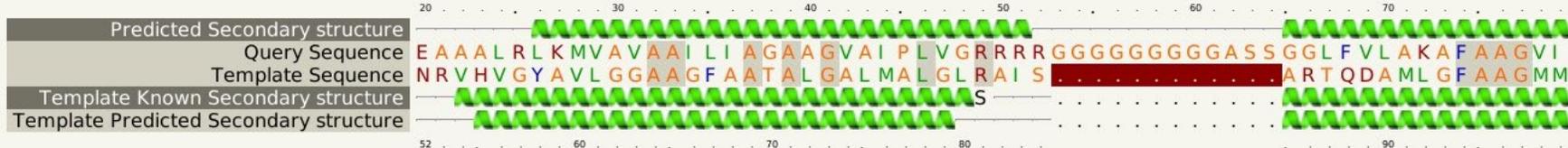
Coverage:

60%

229 residues (60% of your sequence) have been modelled with 100.0% confidence by the single highest scoring template.

8螺旋

支气管败血性博德氏菌



3 与 4 螺旋之间的可变区，富含组氨酸。(141-228)

Amino acid composition:

Ala (A)	20	22.7%
Arg (R)	6	6.8%
Asn (N)	0	0.0%
Asp (D)	5	5.7%
Cys (C)	1	1.1%
Gln (Q)	1	1.1%
Glu (E)	7	8.0%
Gly (G)	13	14.8%
His (H)	11	12.5%
Ile (I)	2	2.3%
Leu (L)	5	5.7%
Lys (K)	2	2.3%
Met (M)	1	1.1%
Phe (F)	2	2.3%
Pro (P)	1	1.1%
Ser (S)	1	1.1%
Thr (T)	2	2.3%
Trp (W)	0	0.0%
Tyr (Y)	1	1.1%
Val (V)	7	8.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%

Thank you for your
attention!