



# 玉米抗旱基因Zm00001d028998结 构和功能分析

Structure and function analysis of gene Zm00001d028998, a  
drought tolerance gene in maize

主讲人：贾艺丹

小组成员：贾艺丹，兰倩，黄佩佩，孔铭



# Outline

---

基因介绍

---

研究意义

---

生物信息学分析

---

总结



# 基因介绍

Advertisement

**FEBS**  
Letters

**COVID-19 Collection**  
Science, Society and Health



READ NOW

Volume 422, Iss

February 06, 199

Pages 400-402



Figures



References



Related

**FEBS**  
Letters

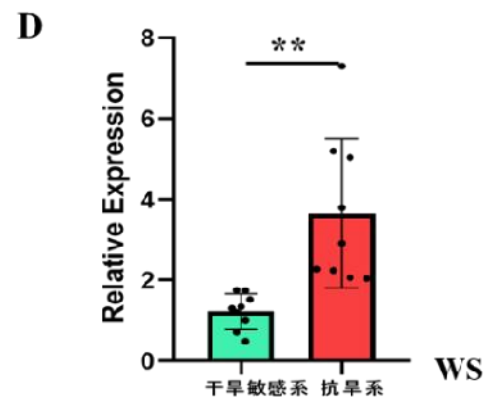
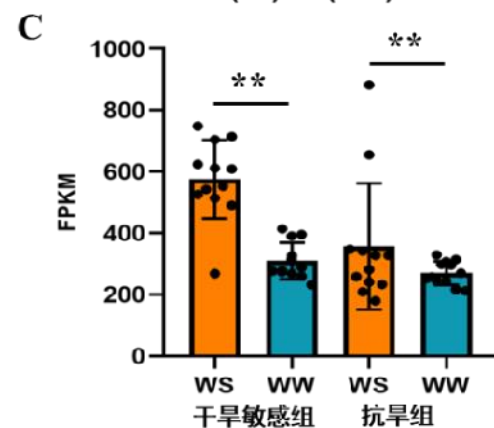
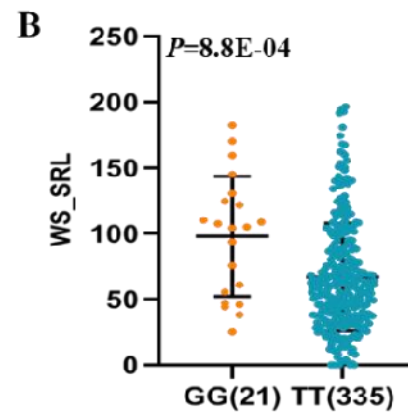
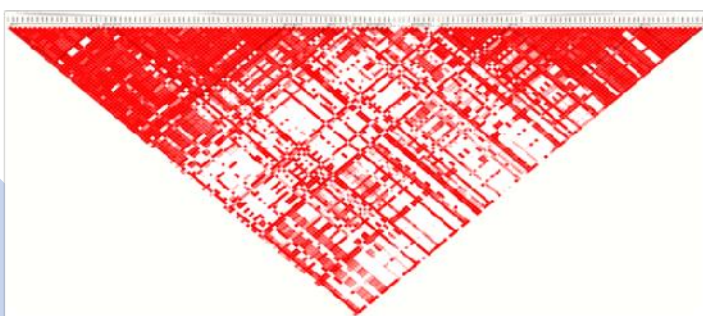
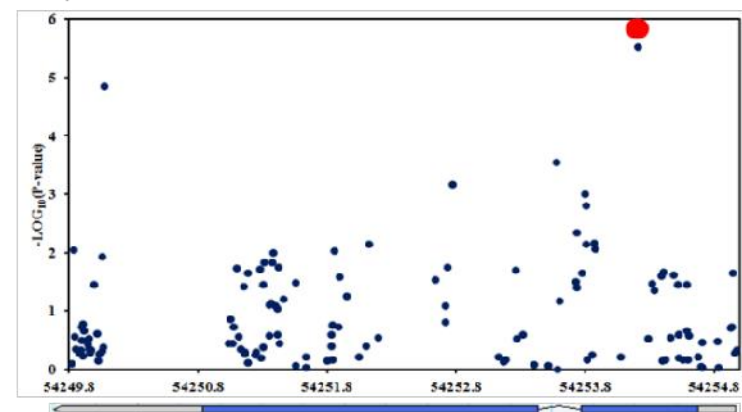
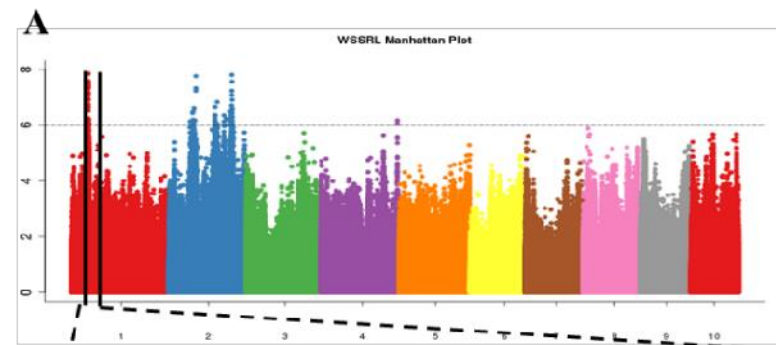
Full-length article | [Free Access](#)

## Rapid changes induced in developmental programmes of the maize embryo detected by analysis of the expression of genes encoding proline-rich proteins

M Josè-Estanyol, P Puigdomènech

First published: 19 February 1998 | [https://doi.org/10.1016/S0014-5793\(98\)00030-1](https://doi.org/10.1016/S0014-5793(98)00030-1) | Citations: 5

- ZmHRGP是编码富含羟脯氨酸蛋白的基因。ZmHRGP mRNA在胼胝质发生或早衰萌发数小时内被高度诱导。



- ZmHRGP编码在分裂细胞丰富的组织中积累的细胞壁蛋白。在胚胎形态发生末期，ZmHRGP基因的表达被ABA诱导的成熟和脱水程序的启动所抑制，所以这个基因与玉米抗旱有关。

大量的证据表明HRGP积累与植物抗性之间具有相关性：

- 用乙烯预处理甜瓜细胞，使其细胞壁HRGP含量增加,抗性测定显示：这种乙烯诱导的HRGP增加同甜瓜对瓜类炭疽刺盘孢菌（C.Lag）的抗性增加是平行相关的;若抑制感染植株中HRGP的积累会使病原侵染甜瓜的速度和程度增加
- 热击处理引起的HRGP积累同黄瓜对真菌瓜疮痂芽枝霉（C.Ccu）的诱导抗性是一致相关的
- HRGP的含量增加与马铃薯和西红柿对线虫侵染的抗性增加相一致

# 研究意义



玉米作为中国的高产粮食作物，在全世界播种面积和总产量仅次于水稻和小麦居世界第三位，是畜牧业、养殖业、水产养殖业等的重要饲料来源，也是食品、医疗卫生、轻工业、化工业等不可或缺的原料之一，而且具有许多生物活性，如抗氧化、抗肿瘤、降血糖、提高免疫力和抑菌杀菌等，因此具有广阔的开发及应用前景。

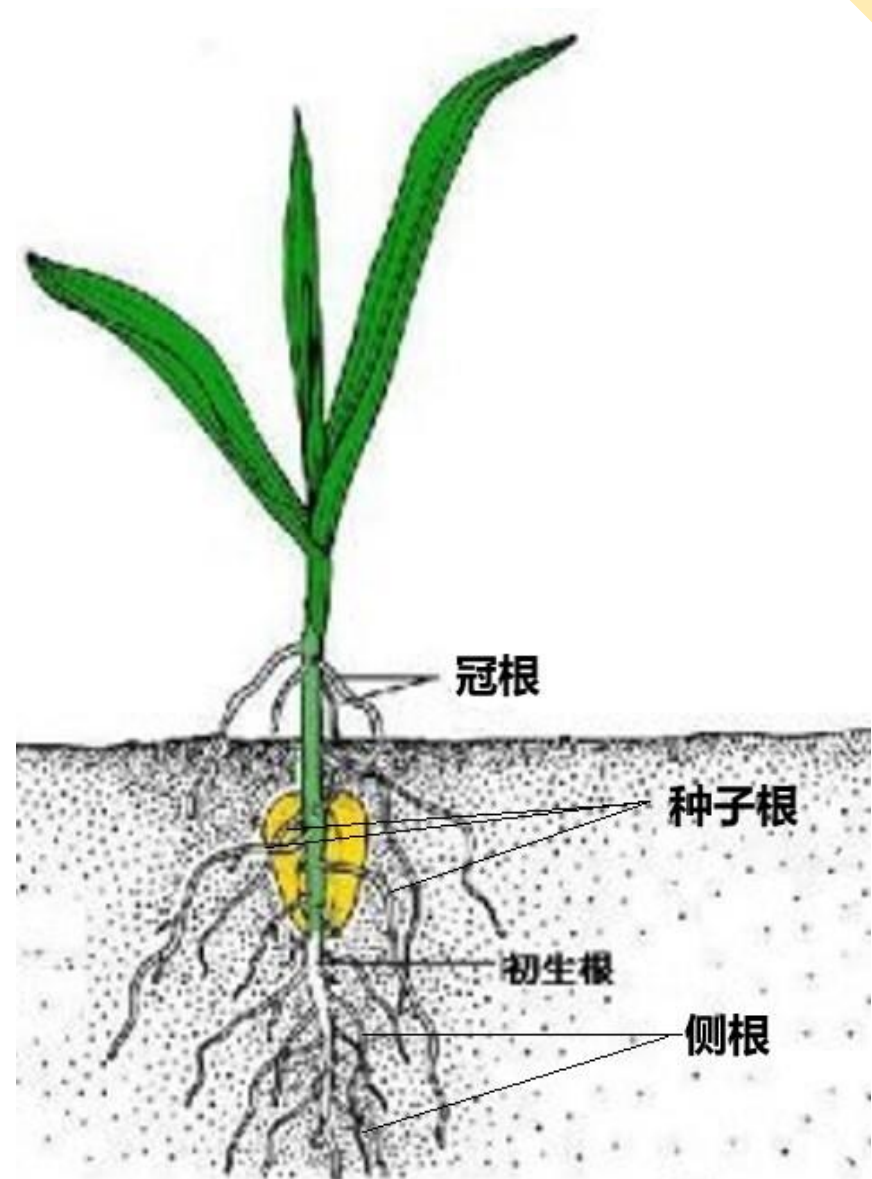
目前，干旱是影响玉米产量最主要的非生物胁迫因素，近几年干旱发生越来越频繁，已经对玉米生产构成了巨大的威胁。



研究发现，根的某些特定的性状可以提高玉米的抗旱性：

- 皮质细胞大，皮层细胞数量少，根皮层通气组织多
- 种子根角度、冠根角度小，初生根的直径大
- 侧根密度小，侧根长度大
- 冠根数目少，轴向根长大

原位杂交研究表明ZmHRGP表达的细胞主要在根部周围的环境。



# 生物信息学分析

■ 课题相关物种信息:

中文名: 玉米

英文名: Maize

拉丁名: *Zea mays*

■ 课题相关蛋白质注释信息:

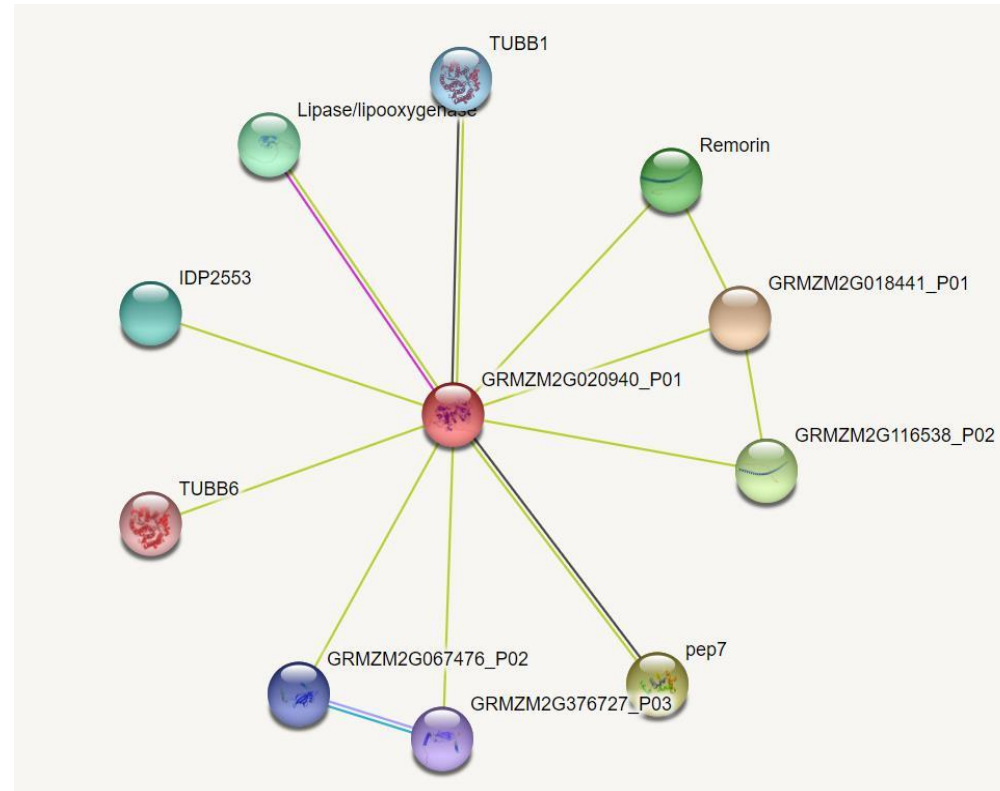
序列登录号: A0A1D6K1B9

序列条目名: A0A1D6K1B9\_MAIZE

序列蛋白名: Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein

基因名: ZEAMMB73\_Zm00001d028998

# ■ Protein-protein interaction databases





## Edges:




Edges represent protein-protein associations

*associations are meant to be specific and meaningful, i.e. proteins jointly contribute to a shared function; this does not necessarily mean they are physically binding to each other.*




### Known Interactions

-  *from curated databases*
-  *experimentally determined*

### Predicted Interactions

-  *gene neighborhood*
-  *gene fusions*
-  *gene co-occurrence*

### Others

-  *textmining*
-  *co-expression*
-  *protein homology*

```

MFGFGHHGQNPPAHGGVHQPTFKIFCKSDEGYCLTVRDGNVVLAPANPRDEHQHWYKDMR
FSTQVKDEEGNPAFALVNKATGLAIKHSLGQSHPVKLVFPNPEYQDESVLWTESGDVGKG
FRCIRMVNNIIRLNFDADFHGDKGHGGVHDGTTVVLEWAKGDNQSWKILPWGDEAYAAGGS
SAANAPRFGGGGEPTVRIYCKADEGFSATVRNGAVCLAPTNPDEYQHWIKDMRHSNSVK
DEEGYPAFALVNRVTGEAIKHSQGEHPVKLVYPNPGYQDESVLWTESRDVGHGFRCVVM
VNNIYLNFDADFHGDKDHGGVRDGTNIVLWKWCEGDNQRWKIVPWCKSRLSTHPGHFSRIL
FLE

```

Zm00001d028998编码蛋白的氨基酸序列

- 运用 Protparam 分析了氨基酸组成及理化性质，该序列由 363 个氨基酸组成，由图可以看出，含量最高的是甘氨酸（Gly），含量最低的是甲硫氨酸（Met）。

**Amino acid composition:**

Ala (A)	23	6.3%
Arg (R)	19	5.2%
Asn (N)	21	5.8%
Asp (D)	23	6.3%
Cys (C)	8	2.2%
Gln (Q)	11	3.0%
Glu (E)	20	5.5%
Gly (G)	41	11.3%
His (H)	20	5.5%
Ile (I)	12	3.3%
Leu (L)	19	5.2%
Lys (K)	20	5.5%
Met (M)	5	1.4%
Phe (F)	18	5.0%
Pro (P)	20	5.5%
Ser (S)	18	5.0%
Thr (T)	14	3.9%
Trp (W)	12	3.3%
Tyr (Y)	10	2.8%
Val (V)	29	8.0%
Pyl (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%

氨基酸含量

Number of amino acids: 363

Molecular weight: 40605.36

Theoretical pI: 6.57

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 43

Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 39

Atomic composition:

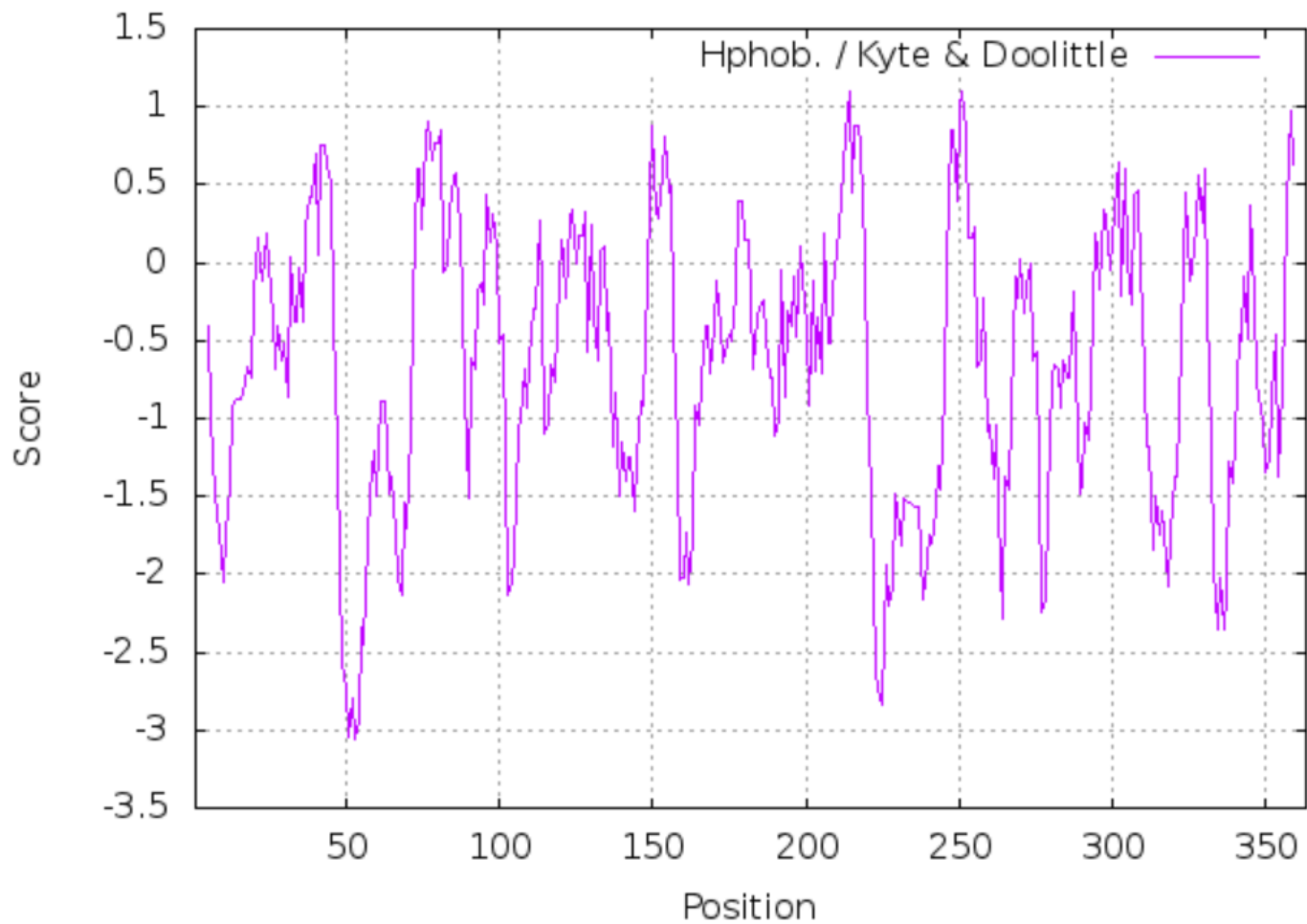
Carbon	C	1810
Hydrogen	H	2704
Nitrogen	N	524
Oxygen	O	524
Sulfur	S	13

Formula:  $C_{1810}H_{2704}N_{524}O_{524}S_{13}$

■ 蛋白质分子式为  $C_{956}H_{1514}N_{292}O_{262}S_{21}$ , 相对分子质量为40605.36; 负电荷氨基酸残基 (Asp + Glu) 总数为 43 个, 正电荷氨基酸残基 (Arg + Lys) 总数为 39 个, 理论等电点(pI) 为6.57, 为中性。

Grand average of hydropathicity (GRAVY): -0.598

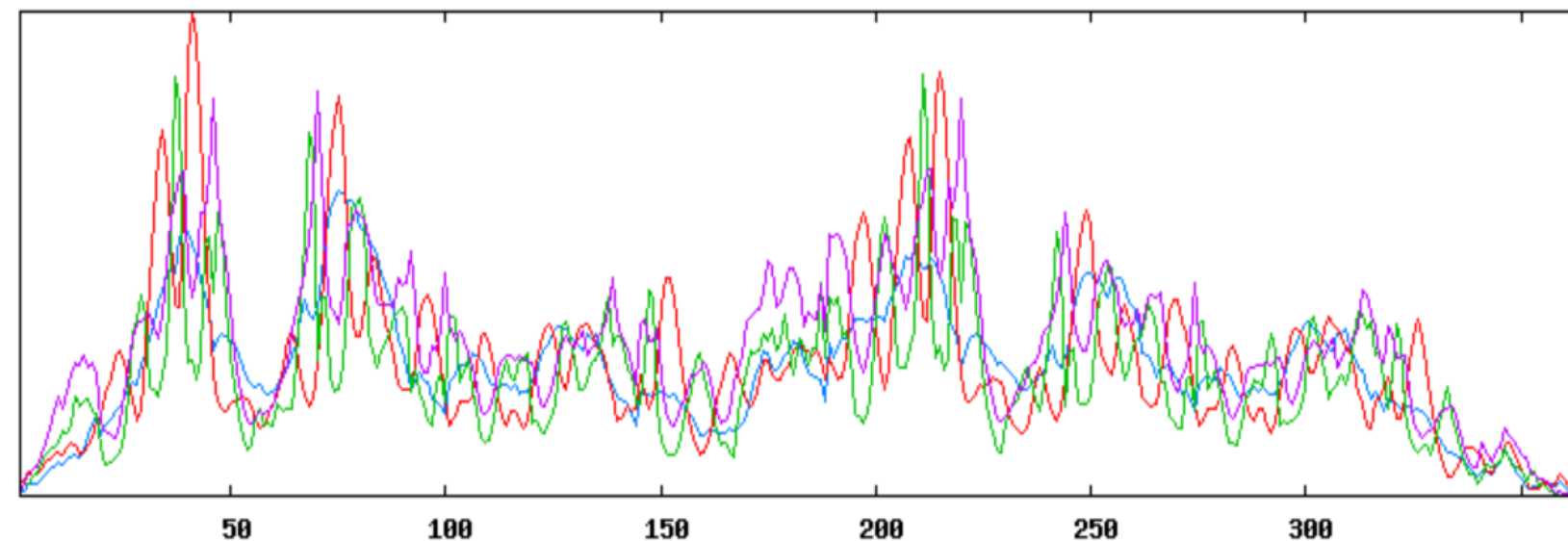
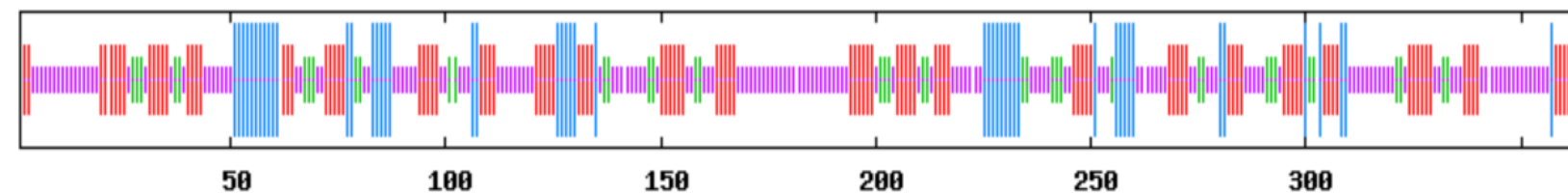
ProtScale output for user\_sequence



■ 通过 ExPASy Prot Scale 蛋白质分析工具对目的基因编码蛋白质的氨基酸序列的亲疏水性进行在线预测。

SOPMA :

Alpha helix	(Hh) :	48 is	13.22%
3 <sub>10</sub> helix	(Gg) :	0 is	0.00%
Pi helix	(Ii) :	0 is	0.00%
Beta bridge	(Bb) :	0 is	0.00%
Extended strand	(Ee) :	109 is	30.03%
Beta turn	(Tt) :	40 is	11.02%
Bend region	(Ss) :	0 is	0.00%
Random coil	(Cc) :	166 is	45.73%
Ambiguous states (?)	:	0 is	0.00%
Other states	:	0 is	0.00%



- 通过 SOMPA 在线预测工具对 该蛋白质进行二级结构预测，结果如图显示。



Query seq.



- 利用 NCBI-CD search 工具分析氨基酸序列保守结构域，结果如图，ZmHRGP基因编码的是富含羟基脯氨酸糖蛋白，分析结果未获得该蛋白的保守结构域、活性结合位点和基因家族信息，表明在现有数据库信息条件下无法完全认识该蛋白质的超二级结构。

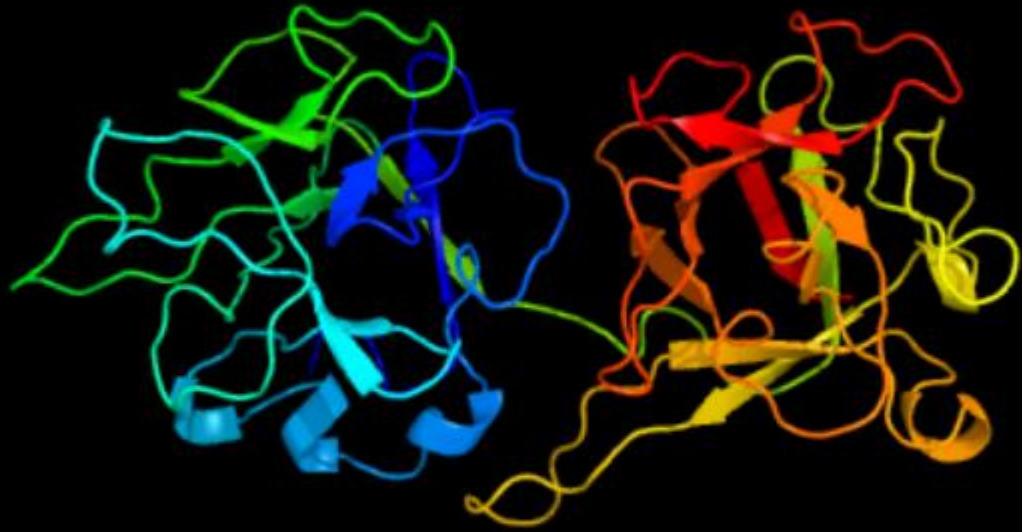


Image coloured by rainbow N → C terminus

Model dimensions (Å): **X**:57.116 **Y**:68.284 **Z**:55.218

- 应用 Phyre<sup>2</sup>软件在线对 ZmHRGP进行三级结构预测。由图可知，该蛋白质是一条链，包含有两个结构域

# 总结

本分析运用目前预测可靠性较高的在线预测网站在基因与氨基酸的微观层次对Zm00001d028998基因进行分析，得到了Zm00001d028998基因的序列，通过对该基因编码的氨基酸序列进行推导，得到具有363个氨基酸的蛋白质序列，分析可知，ZmHRGP编码的蛋白质呈中性，属于亲水蛋白。其二级结构主要由无规则卷曲结构构成，第4~119位点为Proline-rich region(脯氨酸富集区)，第136~174位点为Cysteine-rich region(半胱氨酸富集区)，它们为HRGP的标志性特征。ZmHRGP不含有卷曲螺旋域，不具有保守结构域，无类似基因家族，无各种活性位点。由于技术条件限制，无法对该蛋白质的超二级以及三级结构进行更为清晰的研究。本次汇报基于已有的生物信息学理论对ZmHRGP进行分析，结果可为玉米作物的抗旱研究提供参考，同时可为整个HRGP的研究提供帮助。



# Thank you !

欢迎各位批评指正