

雨生红球藻中BKT蛋白结构功能 与促进虾青素积累调控

中国农业科学院都市农业研究所

汇报人：张欣悦

2025.04.27

雨生红球藻优势

天然虾青素的最佳来源

the best source of natural astaxanthin

雨生红球藻是目前已知天然虾青素含量最高的微藻。

其虾青素含量可达干重的**5-7%**，远高于其他天然来源（如酵母和甲壳类动物）。

虾青素的结构优势

structural advantages of astaxanthin

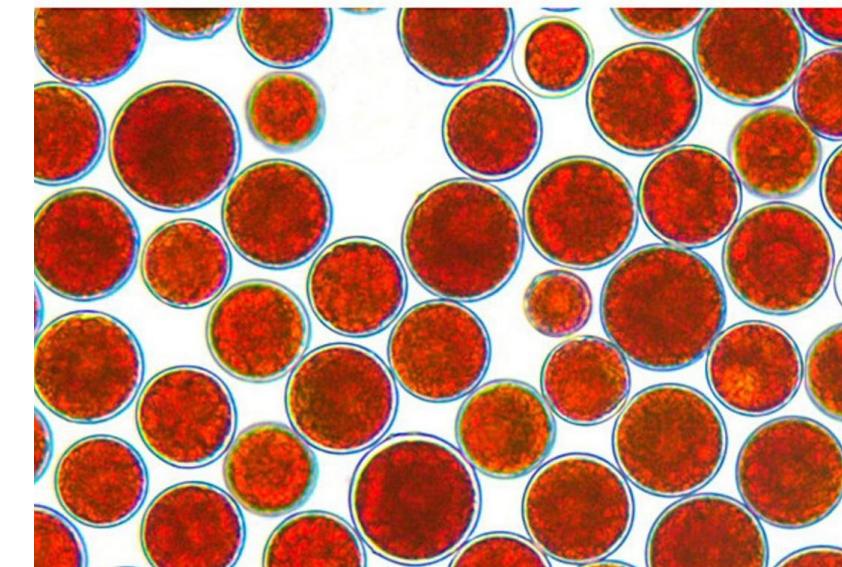
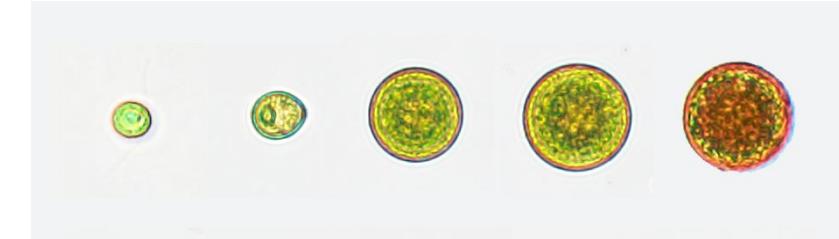
雨生红球藻产生的虾青素主要为全反式结构（3S,3'S），具有**更强的生物活性和稳定性**。

与化学合成的虾青素相比，天然虾青素更**安全**，更适合人类食用。

环境友好性

environmentally friendly

雨生红球藻能够通过光合作用固定二氧化碳，具有**碳中和**技术潜力。



虾青素重要性

强效抗氧化剂

powerful antioxidant

虾青素是一种酮类胡萝卜素，具有**极强的抗氧化能力**，能够清除自由基，保护细胞免受氧化损伤。

其抗氧化能力是维生素E的550倍， β -胡萝卜素的10倍。

健康益处

health benefits

抗炎、抗癌、增强免疫力、保护心血管健康、改善视力等。

在**预防和治疗慢性疾病**（如糖尿病、阿尔茨海默病）方面具有潜在应用价值。

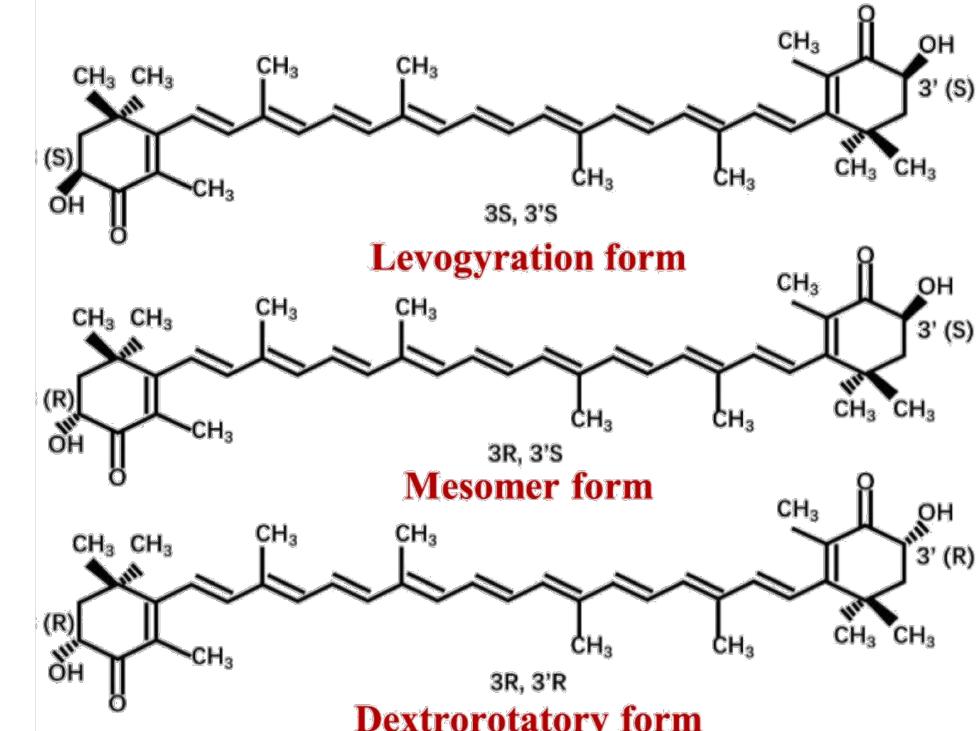
工业应用

industrial applications

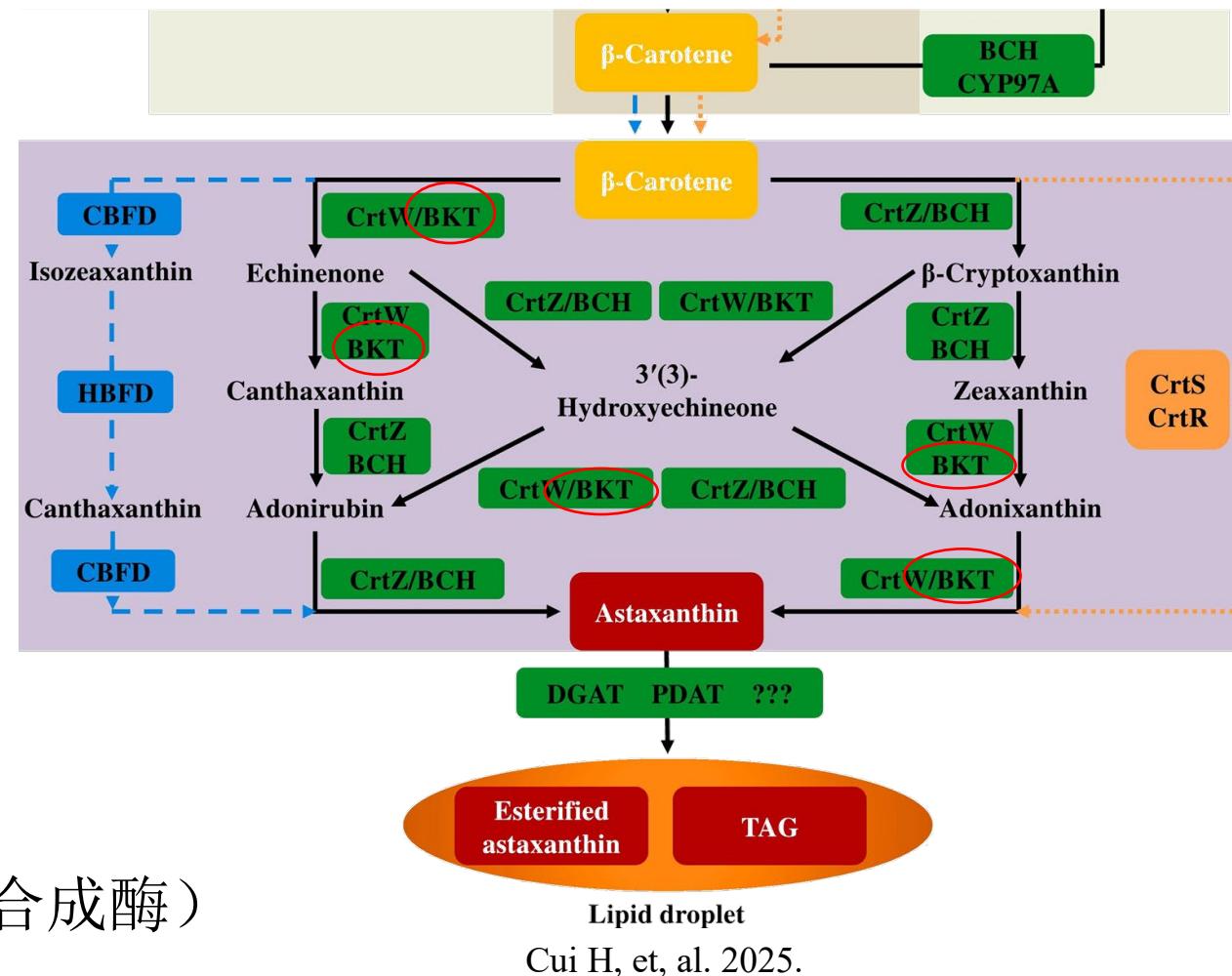
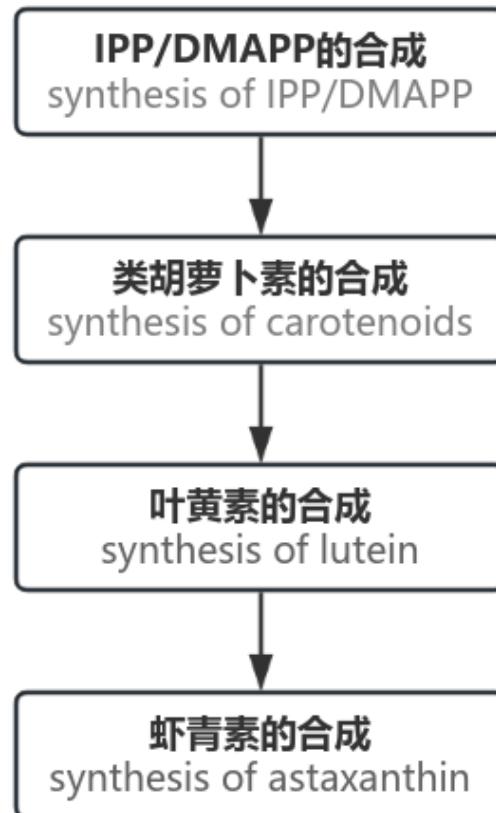
广泛应用于**食品、保健品、化妆品、医药和水产养殖**等领域。

在水产养殖中，虾青素被用作饲料添加剂，以提高鱼虾的色泽和健康水平。

Optical isomer of AXT



雨生红球藻中虾青素合成途径概述



关键限速酶之一：BKT (β -胡萝卜素合成酶)

#2nd letter GC 54.65%

#3rd letter GC 52.10%

#Codon AA Fraction Frequency Number

GCA A 0.364 36.036 24

GCC A 0.242 24.024 16

GCG A 0.106 10.511 7

GCT A 0.288 28.529 19

TGC C 0.483 21.021 14

TGT C 0.517 22.523 15

GAC D 0.464 19.520 13

GAT D 0.536 22.523 15

GAA E 0.476 15.015 10

GAG E 0.524 16.517 11

TTC F 0.571 6.006 4

TTT F 0.429 4.505 3

GGA G 0.123 10.511 7

GGC G 0.404 34.535 23

GGG G 0.228 19.520 13

GGT G 0.246 21.021 14

CAC H 0.553 31.532 21

CAT H 0.447 25.526 17

ATA	I	0.375	9.009	6	CGG	R	0.167	12.012	8
ATC	I	0.313	7.508	5	CGT	R	0.146	10.511	7
ATT	I	0.313	7.508	5	AGC	S	0.408	30.030	20
AAA	K	0.385	7.508	5	AGT	S	0.224	16.517	11
AAG	K	0.615	12.012	8	TCA	S	0.224	16.517	11
CTA	L	0.075	6.006	4	TCC	S	0.102	7.508	5
CTC	L	0.094	7.508	5	TCG	S	0.041	3.003	2
CTG	L	0.321	25.526	17	TCT	S	0.000	0.000	0
CTT	L	0.283	22.523	15	ACA	T	0.353	27.027	18
TTA	L	0.038	3.003	2	ACC	T	0.275	21.021	14
TTG	L	0.189	15.015	10	ACG	T	0.137	10.511	7
ATG	M	1.000	22.523	15	ACT	T	0.235	18.018	12
AAC	N	1.000	4.505	3	GTA	V	0.378	21.021	14
AAT	N	0.000	0.000	0	GTC	V	0.162	9.009	6
CCA	P	0.512	33.033	22	GTG	V	0.243	13.514	9
CCC	P	0.209	13.514	9	GTT	V	0.216	12.012	8
CCG	P	0.070	4.505	3	TGG	W	1.000	15.015	10
CCT	P	0.209	13.514	9	TAC	Y	0.333	4.505	3
CAA	Q	0.314	24.024	16	TAT	Y	0.667	9.009	6
CAG	Q	0.686	52.553	35	TAA	*	0.045	1.502	1
AGA	R	0.167	12.012	8	TAA	*	0.455	15.015	10
AGG	R	0.313	22.523	15	TAG	*	0.500	16.517	11
CGA	R	0.083	6.006	4	TGA	*	0.500	16.517	11
CGC	R	0.125	9.009	6					

Number of amino acids: 276

Molecular weight: 30853.81

Theoretical pI: 7.26

Amino acid composition:

CSV format

Ala (A)	32	11.6%
Arg (R)	10	3.6%
Asn (N)	6	2.2%
Asp (D)	10	3.6%
Cys (C)	3	1.1%
Gln (Q)	8	2.9%
Glu (E)	7	2.5%
Gly (G)	17	6.2%
His (H)	14	5.1%
Ile (I)	12	4.3%
Leu (L)	33	12.0%
Lys (K)	7	2.5%
Met (M)	12	4.3%
Phe (F)	18	6.5%
Pro (P)	18	6.5%
Ser (S)	22	8.0%
Thr (T)	15	5.4%
Trp (W)	11	4.0%
Tyr (Y)	8	2.9%
Val (V)	13	4.7%
Py1 (O)	0	0.0%
Sec (U)	0	0.0%
(B)	0	0.0%
(Z)	0	0.0%
(X)	0	0.0%

Total number of negatively charged residues (Asp + Glu): 17
 Total number of positively charged residues (Arg + Lys): 17

Instability index:

The instability index (II) is computed to be 48.84
 This classifies the protein as unstable.

Aliphatic index: 88.84

Grand average of hydropathicity (GRAVY): 0.227

Aliphatic Index (脂肪族指数) = 88.84 → 高温稳定性强

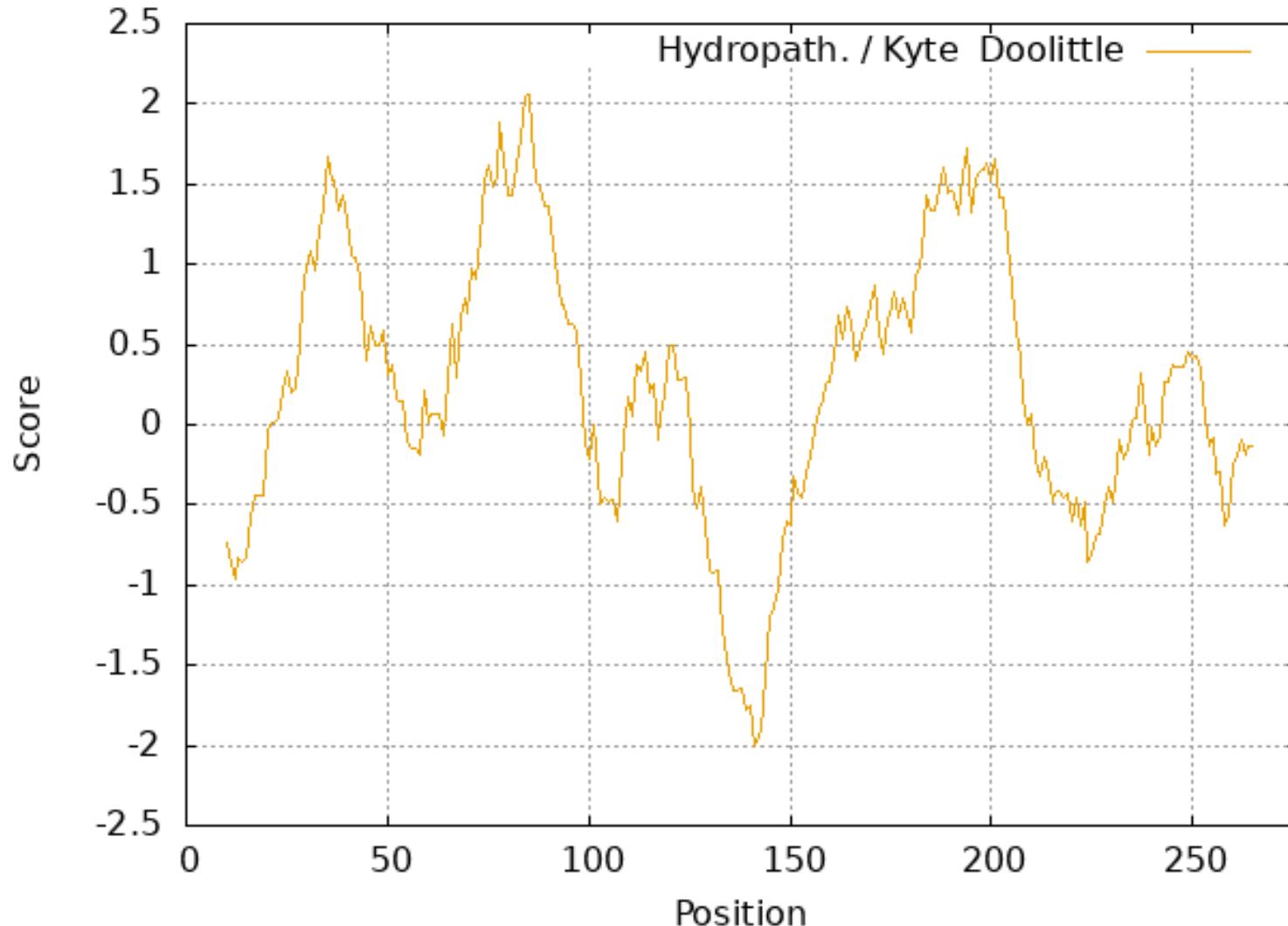
Leu (12.0%)、Ala (11.6%) 含量较高 → 表明该蛋白可能疏水性较强，与膜结合或膜嵌入功能有关

不稳定系数: 48.84(该蛋白不稳定)

平均亲水性: 0.227 (弱疏水蛋白, 可能含局部疏水结构域)

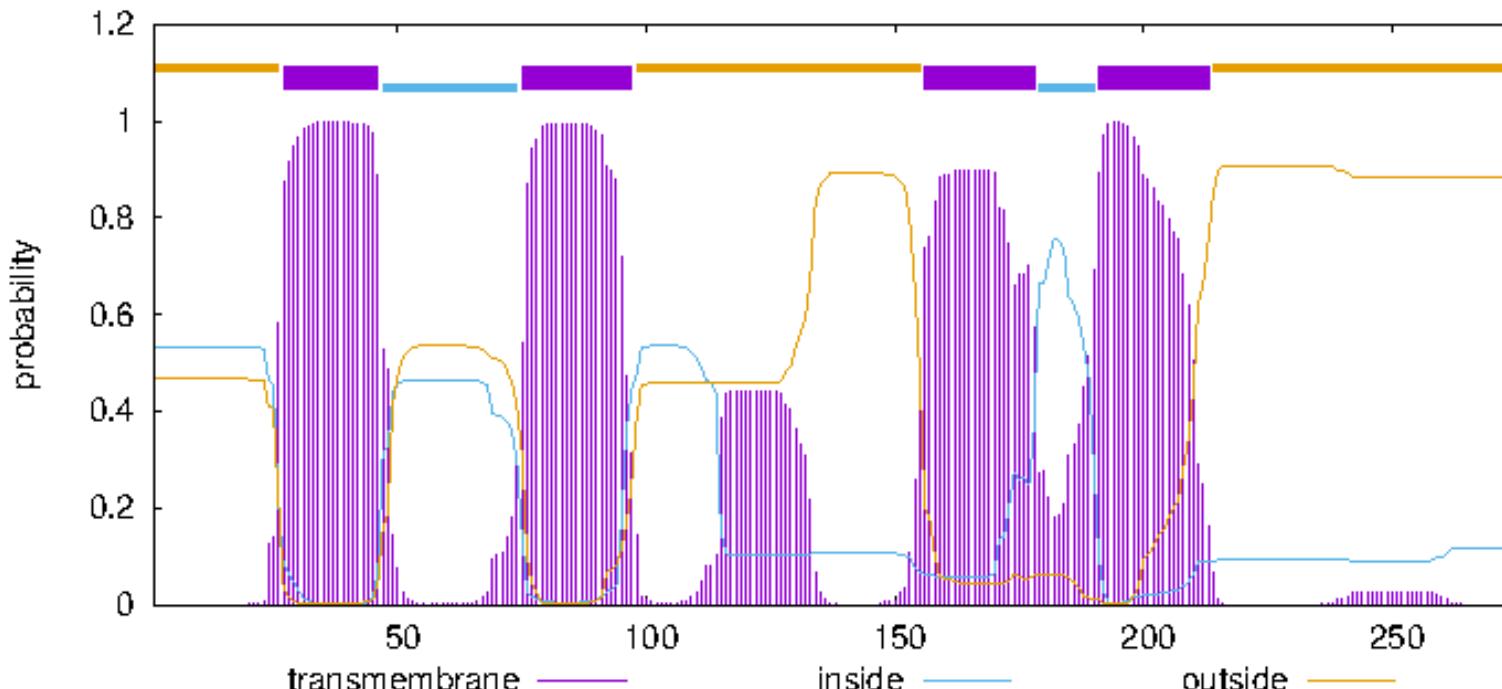
(ProtParam)

ProtScale output for user sequence



纵坐标代表亲水性和疏水性系数，
横坐标代表氨基酸序列。
三个明显的疏水峰（得分 > 1），
可能存在三个关键的疏水区域。

TMHMM posterior probabilities for tr|Q8LJQ2|Q8LJQ2_HAEELA



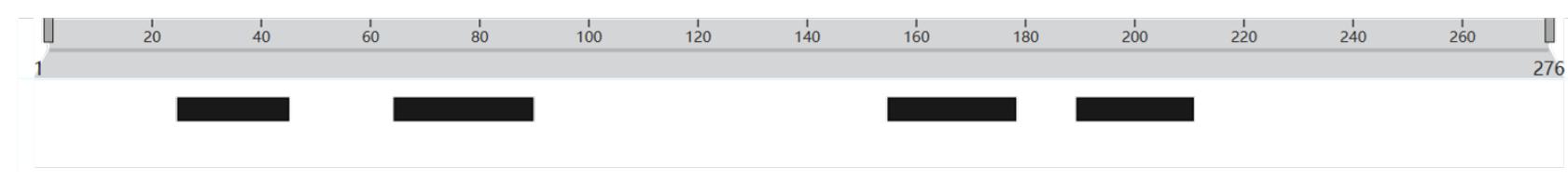
```

# WEBSEQUENCE Length: 276
# WEBSEQUENCE Number of predicted TMHs: 4
# WEBSEQUENCE Exp number of AAs in TMHs: 93.50076000000001
# WEBSEQUENCE Exp number, first 60 AAs: 21.61425
# WEBSEQUENCE Total prob of N-in: 0.53332
# WEBSEQUENCE POSSIBLE N-term signal sequence

```

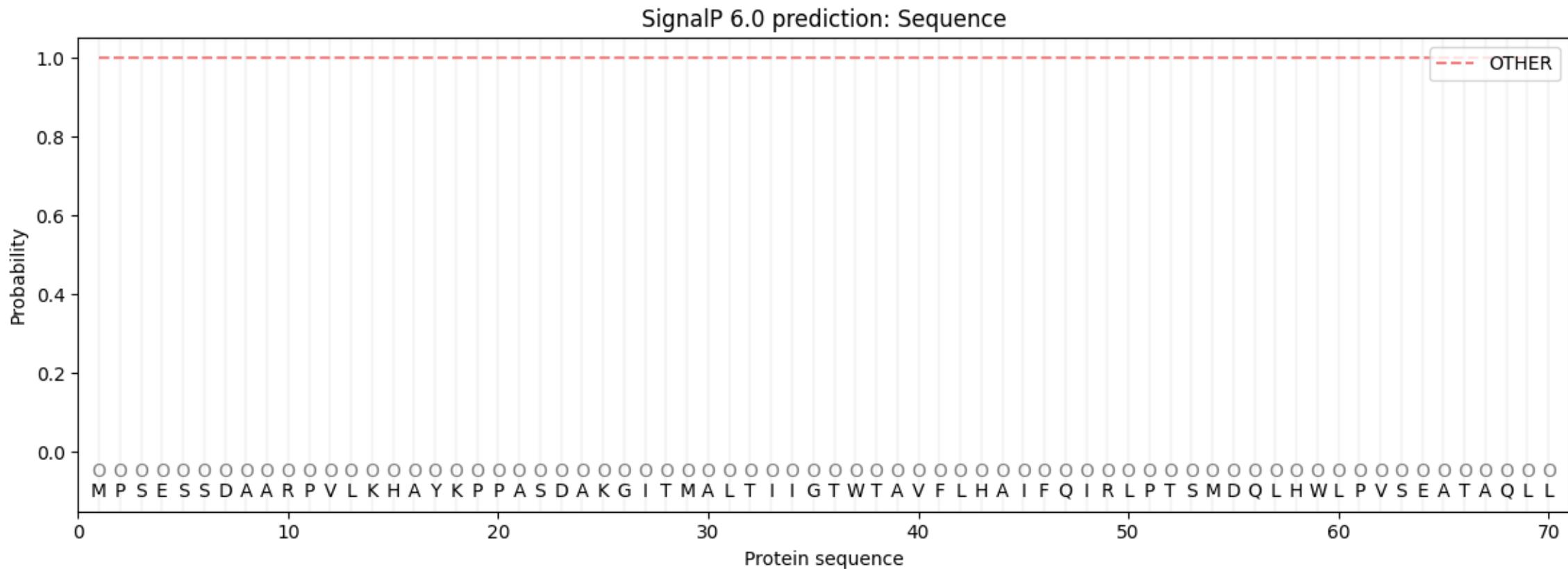
典型的**膜蛋白**，
具有**4个**跨膜区，
有可能存在 N端信号肽。

(TMHMM)



TYPE	ID	POSITION(S)	DESCRIPTION	Tools	Add
+ Transmembrane		27-46	Helical Automatic Annotation		
+ Transmembrane		66-90	Helical Automatic Annotation		
+ Transmembrane		155-177	Helical Automatic Annotation		
+ Transmembrane		189-209	Helical Automatic Annotation		

(UniProt)



信号肽数量为0，为非经典分泌蛋白，
膜结合特性可能直接参与底物（ β -胡萝卜素）的摄取或修饰。

(SignalP)

通过SOPMA对该多肽进行二级结构分析

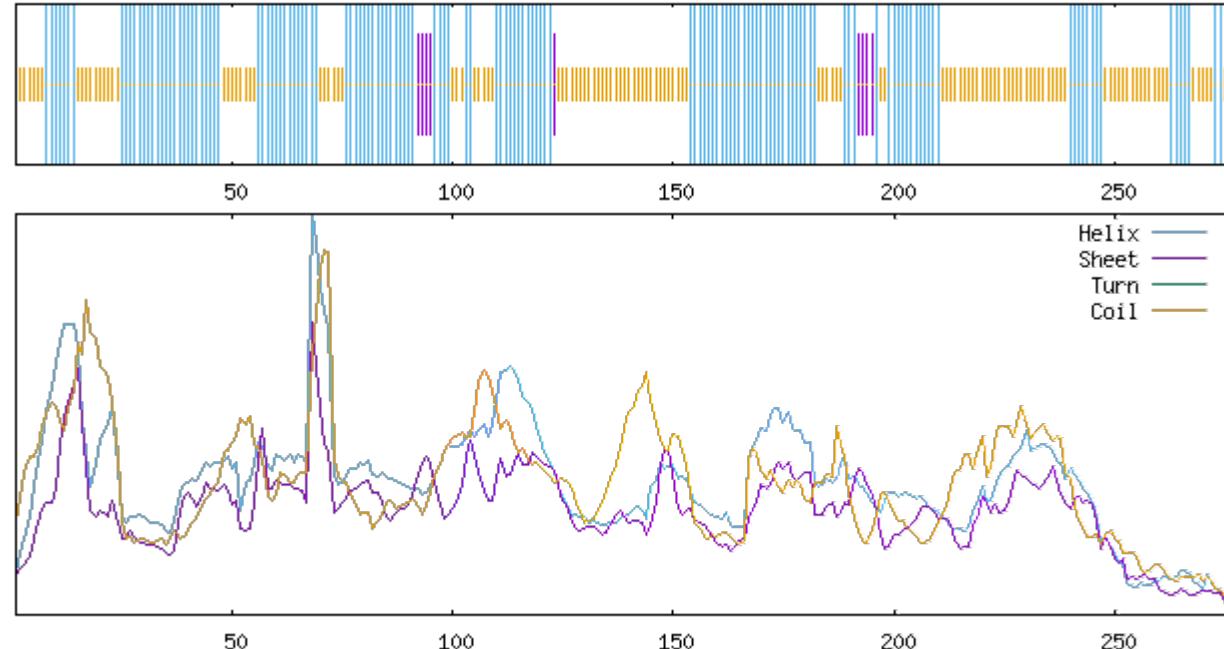
10 20 30 40 50 60 70

MPSESSDAARPVLKAYKPPASDAKGITMALLTIGTWTAVFLHAIFQIRLPTSMQDLHHLWLPVSEATAQLL
 cccccccccc hhhhhhhhhcccccccccccc hhhhhhhhhhhhhhhhhhhcccccccccccc hhhhhhhhhhhhhhhhh
 GGSSLLHIAAVFIVLEFLYTGIFITTHDAMHGTLALRNQLNDLLGNICISLYAWFDYSMHWEHHNHTG
 cccccccccc hhhhhhhhhhhhhhhheeee hhhhccchhcccccccccccccccccccccccccccccccc
 EVGKDPDFHKGNPGLVPWFASFMSSYMSLWQFARLAWVAVMWTQLGAPMANLLVFMMAAPILSAFRLFYF
 cccccccccccc hhhhhhhhhhhhhhhhhhhhhcc
 GTYLPHKPEPGPAAGSQVMSWFRAKTSEASDVMFLTCYHFDLFAPWWQLPHCRLSGRGLVPALA
 hcc

Sequence length : 276

SOPMA :

Alpha helix	(Hh)	:	139	is	50.36%
3 ₁₀ helix	(Gg)	:	0	is	0.00%
Pi helix	(Ii)	:	0	is	0.00%
Beta bridge	(Bb)	:	0	is	0.00%
Extended strand	(Ee)	:	9	is	3.26%
Beta turn	(Tt)	:	0	is	0.00%
Bend region	(Ss)	:	0	is	0.00%
Random coil	(Cc)	:	128	is	46.38%
Ambiguous states	(?)	:	0	is	0.00%
Other states	:		0	is	0.00%



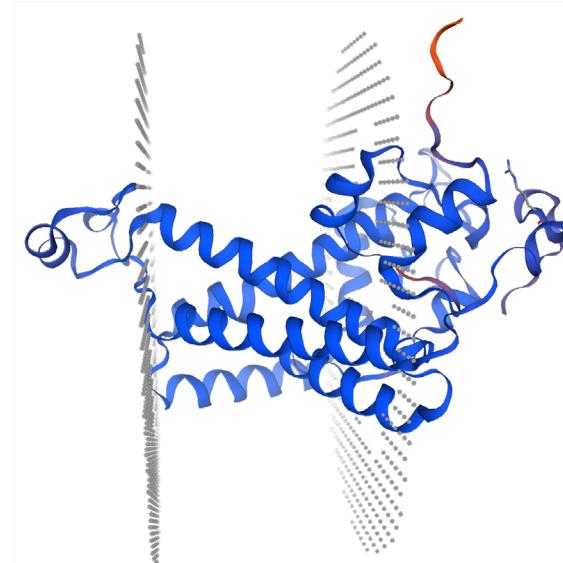
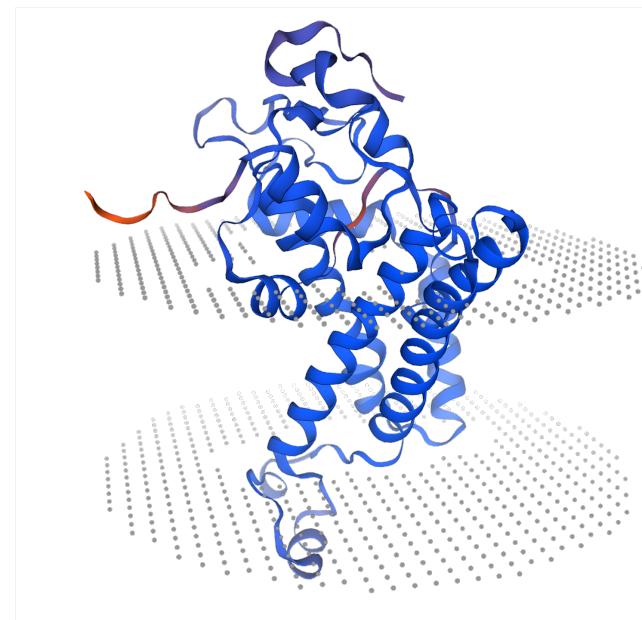
Parameters :

Window width	:	17
Similarity threshold	:	8
Number of states	:	3

α-螺旋 (Alpha helix, Hh) : 占比 50.36%，是主要结构，表明该蛋白可能具有稳定的螺旋区域，可能参与形成蛋白质的核心结构或功能域 (如DNA结合、跨膜区等)。

无规卷曲 (Random coil, CC) : 占比 46.38%，比例较高，蛋白存在较多柔性区域，可能参与动态功能 (如信号传导、蛋白相互作用)。

延伸链 (Extended strand, Ee) : 仅占 3.26%，β-折叠结构极少，说明该蛋白可能不依赖β-折叠形成稳定结构。 (SOPMA)



具有跨膜片段

Score Schemes

SOA

(Solvent
Accessibility)

Low SOA -> High SOA

B-factor



Low disorder -> High Disorder

B-factor
range

Low disorder -> High Disorder.

Range is between the minimum and maximum B-factor values present in the structure.

Entropy



Low Entropy -> High Entropy;

High Conservation -> Low Conservation

DISCOVERED MOTIFS

	Logo	E-value	Sites	Width	More	Submit/Download
1.		1.3e+000	3	6	⬇	➡
2.		5.7e+001	2	7	⬇	➡
3.		9.7e+001	2	6	⬇	➡

Stopped because requested number of motifs (3) found.

E值范围	显著性	生物学意义
$E < 0.05$	高度显著	极可能具有功能 (如酶活性位点)
$0.05 \leq E < 1$	较显著	可能功能相关, 需实验验证
$E \geq 1$	不显著	可能为随机匹配, 需谨慎对待

Name	p-value	Motif Locations
tr Q8LJQ2 Q8LJQ2_HAELA	2.81e-14	<img alt="Motif locations on sequence: green box at position 1, red boxes at positions 10, 11, 12, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221, 222, 223, 224, 225, 226, 227, 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237, 238, 239, 240, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 252, 253, 254, 255, 256, 257, 258, 259, 260, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275, 276, 277, 278, 279, 280, 281, 282, 283, 284, 285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 301, 302, 303, 304, 305, 306, 307, 308, 309, 310, 311, 312, 313, 314, 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 351, 352, 353, 354, 355, 356, 357, 358, 359, 360, 361, 362, 363, 364, 365, 366, 367, 368, 369, 370, 371, 372, 373, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 391, 392, 393, 394, 395, 396, 397, 398, 399, 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406, 407, 408, 409, 410, 411, 412, 413, 414, 415, 416, 417, 418, 419, 420, 421, 422, 423, 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431, 432, 433, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 442, 443, 444, 445, 446, 447, 448, 449, 450, 451, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465, 466, 467, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474, 475, 476, 477, 478, 479, 480, 481, 482, 483, 484, 485, 486, 487, 488, 489, 490, 491, 492, 493, 494, 495, 496, 497, 498, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 511, 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 524, 525, 526, 527, 528, 529, 530, 531, 532, 533, 534, 535, 536, 537, 538, 539, 540, 541, 542, 543, 544, 545, 546, 547, 548, 549, 550, 551, 552, 553, 554, 555, 556, 557, 558, 559, 560, 561, 562, 563, 564, 565, 566, 567, 568, 569, 5610, 5611, 5612, 5613, 5614, 5615, 5616, 5617, 5618, 5619, 5620, 5621, 5622, 5623, 5624, 5625, 5626, 5627, 5628, 5629, 5630, 5631, 5632, 5633, 5634, 5635, 5636, 5637, 5638, 5639, 56310, 56311, 56312, 56313, 56314, 56315, 56316, 56317, 56318, 56319, 56320, 56321, 56322, 56323, 56324, 56325, 56326, 56327, 56328, 56329, 56330, 56331, 56332, 56333, 56334, 56335, 56336, 56337, 56338, 56339, 563310, 563311, 563312, 563313, 563314, 563315, 563316, 563317, 563318, 563319, 563320, 563321, 563322, 563323, 563324, 563325, 563326, 563327, 563328, 563329, 563330, 563331, 563332, 563333, 563334, 563335, 563336, 563337, 563338, 563339, 5633310, 5633311, 5633312, 5633313, 5633314, 5633315, 5633316, 5633317, 5633318, 5633319, 5633320, 5633321, 5633322, 5633323, 5633324, 5633325, 5633326, 5633327, 5633328, 5633329, 5633330, 5633331, 5633332, 5633333, 5633334, 5633335, 5633336, 5633337, 5633338, 5633339, 56333310, 56333311, 56333312, 56333313, 56333314, 56333315, 56333316, 56333317, 56333318, 56333319, 56333320, 56333321, 56333322, 56333323, 56333324, 56333325, 56333326, 56333327, 56333328, 56333329, 56333330, 56333331, 56333332, 56333333, 56333334, 56333335, 56333336, 56333337, 56333338, 56333339, 563333310, 563333311, 563333312, 563333313, 563333314, 563333315, 563333316, 563333317, 563333318, 563333319, 563333320, 563333321, 563333322, 563333323, 563333324, 563333325, 563333326, 563333327, 563333328, 563333329, 563333330, 563333331, 563333332, 563333333, 563333334, 563333335, 563333336, 563333337, 563333338, 563333339, 5633333310, 5633333311, 5633333312, 5633333313, 5633333314, 5633333315, 5633333316, 5633333317, 5633333318, 5633333319, 5633333320, 5633333321, 5633333322, 5633333323, 5633333324, 5633333325, 5633333326, 5633333327, 5633333328, 5633333329, 5633333330, 5633333331, 5633333332, 5633333333, 5633333334, 5633333335, 5633333336, 5633333337, 5633333338, 5633333339, 56333333310, 56333333311, 56333333312, 56333333313, 56333333314, 56333333315, 56333333316, 56333333317, 56333333318, 56333333319, 56333333320, 56333333321, 56333333322, 56333333323, 56333333324, 56333333325, 56333333326, 56333333327, 56333333328, 56333333329, 56333333330, 56333333331, 56333333332, 56333333333, 56333333334, 56333333335, 56333333336, 56333333337, 56333333338, 56333333339, 563333333310, 563333333311, 563333333312, 563333333313, 563333333314, 563333333315, 563333333316, 563333333317, 563333333318, 563333333319, 563333333320, 563333333321, 563333333322, 563333333323, 563333333324, 563333333325, 563333333326, 563333333327, 563333333328, 563333333329, 563333333330, 563333333331, 563333333332, 563333333333, 563333333334, 563333333335, 563333333336, 563333333337, 563333333338, 563333333339, 5633333333310, 5633333333311, 5633333333312, 5633333333313, 5633333333314, 5633333333315, 5633333333316, 5633333333317, 5633333333318, 5633333333319, 5633333333320, 5633333333321, 5633333333322, 5633333333323, 5633333333324, 5633333333325, 5633333333326, 5633333333327, 5633333333328, 5633333333329, 5633333333330, 5633333333331, 5633333333332, 5633333333333, 5633333333334, 5633333333335, 5633333333336, 5633333333337, 5633333333338, 5633333333339, 56333333333310, 56333333333311, 56333333333312, 56333333333313, 56333333333314, 56333333333315, 56333333333316, 56333333333317, 56333333333318, 56333333333319, 56333333333320, 56333333333321, 56333333333322, 56333333333323, 56333333333324, 56333333333325, 56333333333326, 56333333333327, 56333333333328, 56333333333329, 56333333333330, 56333333333331, 56333333333332, 56333333333333, 56333333333334, 56333333333335, 56333333333336, 56333333333337, 56333333333338, 56333333333339, 563333333333310, 563333333333311, 563333333333312, 563333333333313, 563333333333314, 563333333333315, 563333333333316, 563333333333317, 563333333333318, 563333333333319, 563333333333320, 563333333333321, 563333333333322, 563333333333323, 563333333333324, 563333333333325, 563333333333326, 563333333333327, 563333333333328, 563333333333329, 563333333333330, 563333333333331, 563333333333332, 563333333333333, 563333333333334, 563333333333335, 563333333333336, 563333333333337, 563333333333338, 563333333333339, 5633333333333310, 5633333333333311, 5633333333333312, 5633333333333313, 5633333333333314, 5633333333333315, 5633333333333316, 5633333333333317, 5633333333333318, 5633333333333319, 5633333333333320, 5633333333333321, 5633333333333322, 5633333333333323, 5633333333333324, 5633333333333325, 5633333333333326, 5633333333333327, 5633333333333328, 5633333333333329, 5633333333333330, 5633333333333331, 5633333333333332, 5633333333333333, 5633333333333334, 5633333333333335, 5633333333333336, 5633333333333337, 5633333333333338, 5633333333333339, 56333333333333310, 56333333333333311, 56333333333333312, 56333333333333313, 56333333333333314, 56333333333333315, 56333333333333316, 56333333333333317, 56333333333333318, 56333333333333319, 56333333333333320, 56333333333333321, 56333333333333322, 56333333333333323, 56333333333333324, 56333333333333325, 56333333333333326, 56333333333333327, 56333333333333328, 56333333333333329, 56333333333333330, 56333333333333331, 56333333333333332, 56333333333333333, 56333333333333334, 56333333333333335, 56333333333333336, 56333333333333337, 56333333333333338, 56333333333333339, 563333333333333310, 563333333333333311, 563333333333333312, 563333333333333313, 563333333333333314, 563333333333333315, 563333333333333316, 563333333333333317, 563333333333333318, 563333333333333319, 563333333333333320, 563333333333333321, 563333333333333322, 563333333333333323, 563333333333333324, 563333333333333325, 563333333333333326, 563333333333333327, 563333333333333328, 563333333333333329, 563333333333333330, 563333333333333331, 563333333333333332, 563333333333333333, 563333333333333334, 563333333333333335, 563333333333333336, 563333333333333337, 563333333333333338, 563333333333333339, 5633333333333333310, 5633333333333333311, 5633333333333333312, 5633333333333333313, 5633333333333333314, 5633333333333333315, 5633333333333333316, 5633333333333333317, 5633333333333333318, 5633333333333333319, 5633333333333333320, 5633333333333333321, 5633333333333333322, 5633333333333333323, 5633333333333333324, 5633333333333333325, 5633333333333333326, 5633333333333333327, 5633333333333333328, 5633333333333333329, 5633333333333333330, 5633333333333333331, 5633333333333333332, 5633333333333333333, 5633333333333333334, 5633333333333333335, 5633333333333333336, 5633333333333333337, 5633333333333333338, 5633333333333333339, 56333333333333333310, 56333333333333333311, 56333333333333333312, 56333333333333333313, 56333333333333333314, 56333333333333333315, 56333333333333333316, 56333333333333333317, 56333333333333333318, 56333333333333333319, 56333333333333333320, 56333333333333333321, 56333333333333333322, 56333333333333333323, 56333333333333333324, 56333333333333333325, 56333333333333333326, 56333333333333333327, 56333333333333333328, 56333333333333333329, 56333333333333333330, 56333333333333333331, 56333333333333333332, 56333333333333333333, 56333333333333333334, 56333333333333333

ConSurf Results for job:BKT



The conservation scale:



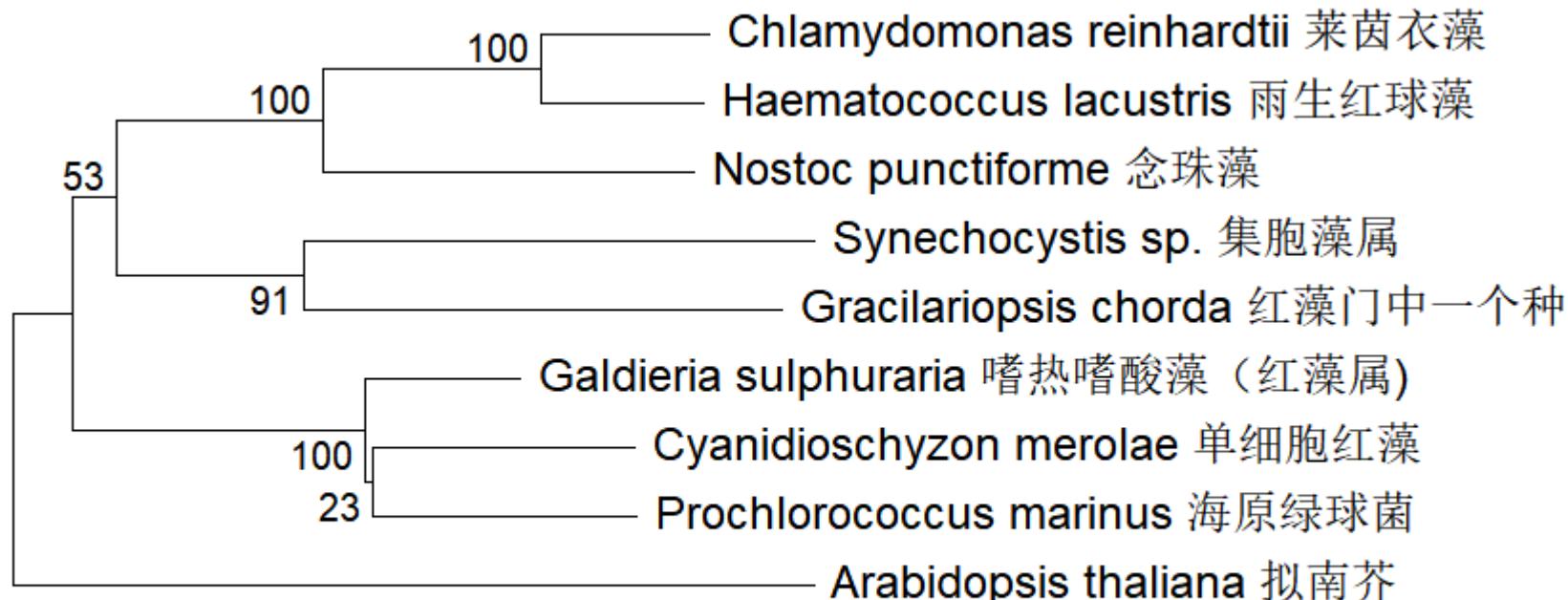
Variable **Average** **Conserved**

- e** - An exposed residue according to the neural network algorithm.
 - b** - A buried residue according to the neural network algorithm.
 - f** - A predicted functional residue (highly conserved and exposed).
 - s** - A predicted structural residue (highly conserved and buried).
 - x** - Insufficient data - the calculation for this site was performed on less than 10% of the sequences.

BKT在不同物种中的相关信息

物种名	拉丁名	Accession	AA长度	是否人工审阅
雨生红球藻	<i>Haematococcus lacustris</i>	Q8LJQ2	276	✗
莱茵衣藻	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Q4VKB4	444	✓
念珠藻	<i>Nostoc punctiforme</i>	B2IZ40	253	✗
集胞藻属	<i>Synechocystis</i> sp.	P20388	351	✓
红藻门	<i>Gracilaria chorda</i>	A0A2V3J653	386	✗
嗜热嗜酸菌	<i>Galdieria sulphuraria</i>	M2XEP7	260	✗
单细胞红藻	<i>Cyanidioschyzon merolae</i>	Q85G65	259	✗
海原绿球菌	<i>Prochlorococcus marinus</i>	A9BDK4	341	✗
拟南芥	<i>Arabidopsis thaliana</i>	A0A1I9LSQ0	215	✗

BKT在不同物种的系统发生树



0.20

单细胞红藻

嗜热嗜酸菌

雨生红球藻

Species/Abbrv	Sequence
1. sp Q4VKB4 BKT CHLRE	M GPG I Q P T S A R P C S R T K H S R F A L L A A A L T A R R V K Q F T K Q F R S R R M A E D I L K L W Q R Q Y H L P R E D S D K R T L R D R V H L Y R P P R S D L G G I A V A V I V I A L W A T L F V Y G L W F V K L P - - - - - W A L K V G E T - - - - -
2. tr Q85G65 Q85G65 CYAM1	- - - - -
3. sp P20388 DESA SYN3	- - - - - M T A T I P P L T P T V T P S N P D R P I A D L K L Q D I I K T L P K E C F E K K A S K A W A S V L I T L G A I A V G Y L G I I Y L P - - - - -
4. tr A0A1I9LSQ0 A0A1I9LSQ0 ARATH	- - - - - M Y V I T G G I C I B Y S N P T L A S A I G N I V P - - - - -
5. tr B2IZ40 B2IZ40 NOSP7	- - - - - M I Q L E Q P L S H Q A K L T P V L R S K S Q F K G L F I A I V V S A W V I S L S L L L S L D I S K - - - - -
6. tr M2XEP7 M2XEP7 GALSU	- - - - - M F C S I V S Y L Y F K - - - - - I N I Y A C F I I N - - - - -
7. tr A0A2V3J653 A0A2V3J653 9FLOR	- - - - - M A P S A D H Y P V P T H S S A P N K R T T L K D L N V Y G D V A V A P S S V V P L E E I P T L A E I K R H I P A H C F R P S L A R S I Y Y V R D L V F L S L S L Y Y A A Y L T H G - - - - -
8. tr A9BDK4 A9BDK4 PROM4	- - - - - M T Q I L D V A Q A K E V S E K S Q S F A F W Q K V I K D Y L D P P - - - D S I M P T V A L F L G G Y L I A F L I I W Q W Y E G D W P L P V L - - - - -
9. tr Q8LJQ2 Q8LJQ2 HAE1A	- - - - - M P S E S S D - A A R P V L K H A Y K P P A S D A K G I T M A L H I I G I T W I A V F L H A I F Q I R L P T S M D Q L H W L P V S E A T A - - - - -

(MEGA)

优化方向	具体策略	理论依据
提升蛋白结构稳定性	定点突变, 参考嗜热藻BKT的保守疏水位点; 重点突变区域集中在跨膜区和催化核心	进化树和比对结果显示, 嗜热嗜酸物种BKT在高温稳定, 序列中疏水性氨基酸比例更高, 特别是在膜区
优化膜结合能力	优化跨膜区氨基酸, 增加V、L、I等疏水残基比例	跨膜稳定直接影响底物结合效率
提升基因表达水平	高GC密码子替换为低GC同义密码子等等	GC-rich区域可能导致核糖体暂停或脱落
增加底物供应	共表达 β -胡萝卜素合成通路中的PSY、BCH等关键基因	虾青素合成路径为 β -胡萝卜素经BKT催化生成, 底物充足是提高产率的必要条件



请大家批评指正！