

# 棉花SBP转录因子初探

生物信息学二班B队

杨凤环

王俊娟

张文香

苏长青

尹志新

杨作仁

刘坤

张雅涵

张婧妹

葛芸英

常敏

刘树鹏

讲演人：刘树鹏

# 棉花SBP转录因子的研究

## 转录因子概况

根据转录因子蛋白的保守序列，目前已从22物种中预测出26402个转录因子，并将其分为64个转录因子家族。它们的主要作用有调节植物生长发育和参与形态建成、参与逆境胁迫等。

# SBP

又称SQUA启动子结合蛋白，是因为它能识别并结合于金鱼草MADS-box基因SQUAMOSIA启动子，由76个氨基酸组成，有10个左右的保守的Cys和His，通过NMR，CD，及滴定等方法发现SBP拥有两个锌离子结构域。SBP主要的功能较多的报道是与花的发育相关。



## Cotton Transcription Factor Database

# 棉花(upland-cotton)转录因子SBP

在棉花中已预测出有1567个转录因子，而SBP家族包括14个成员。

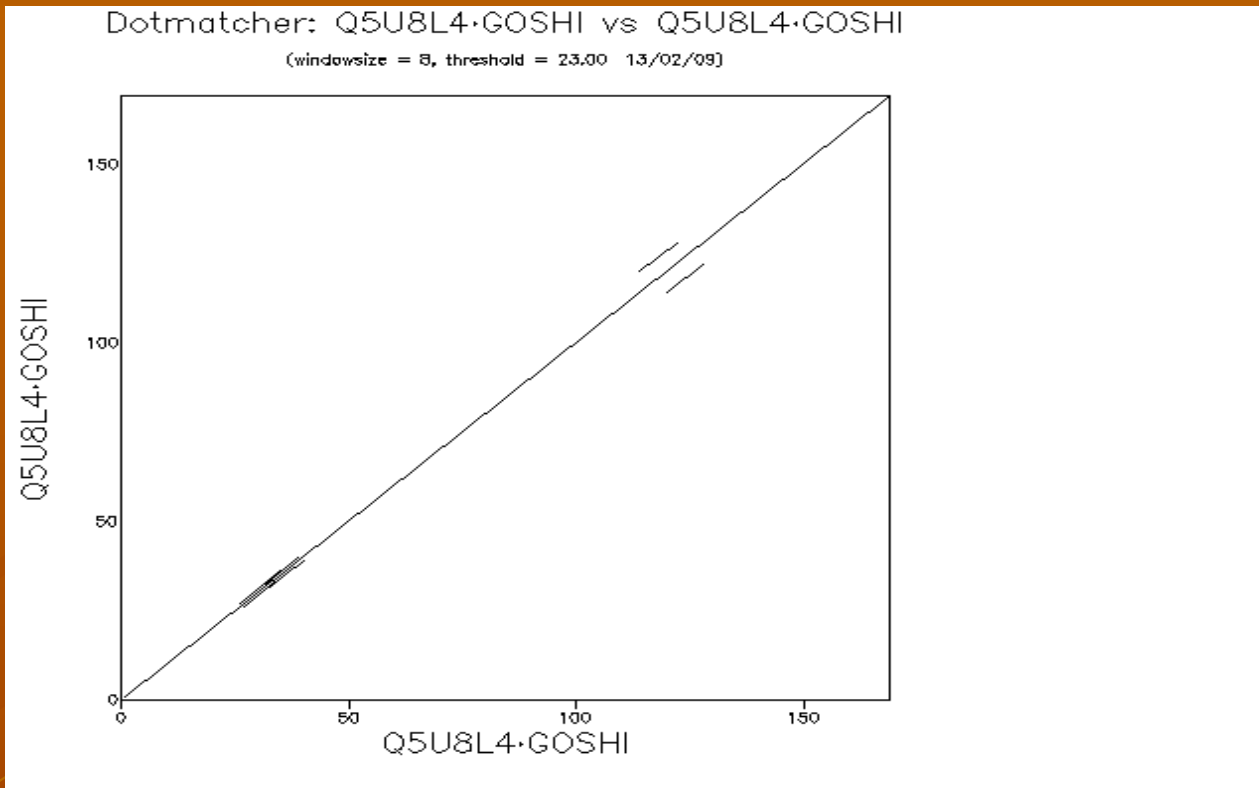
# 一、SBP的一级结构分析

## 序列准备

ExPASy里查SBP transcription factor 和cotton  
得到 Q5U8L4 ， 共有169个氨基酸。

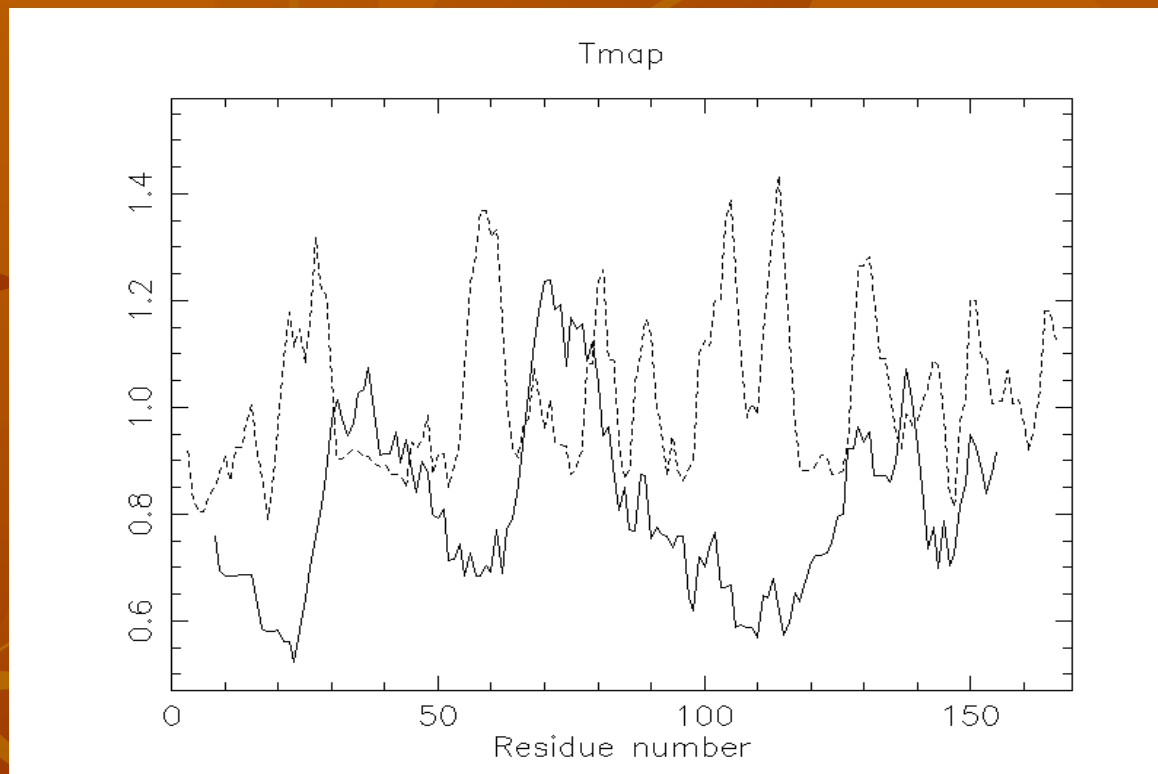
## 序列分析

dotmatcher分析， 结果为：



Dotmatcher序列比对结果：在第45-50个氨基酸有一段重复序列，在第105-110个氨基酸也有一段重复序列，前一段可能是前导肽，后一段可能是核定位信号。

- 应用EMBOSS的Tmap预测其跨膜区

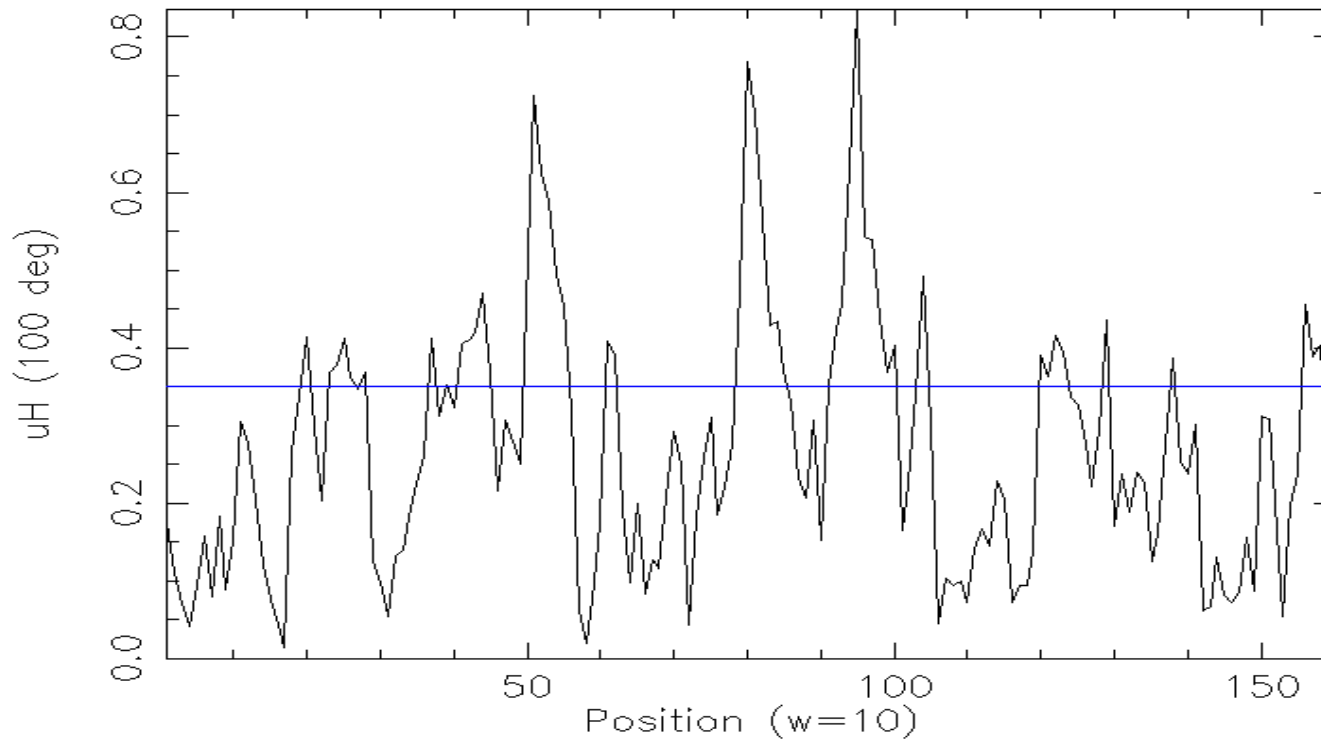


- 结果是这段蛋白序列中不含有跨膜的螺旋区，说明它不是跨膜螺旋。

# 疏水区的分析

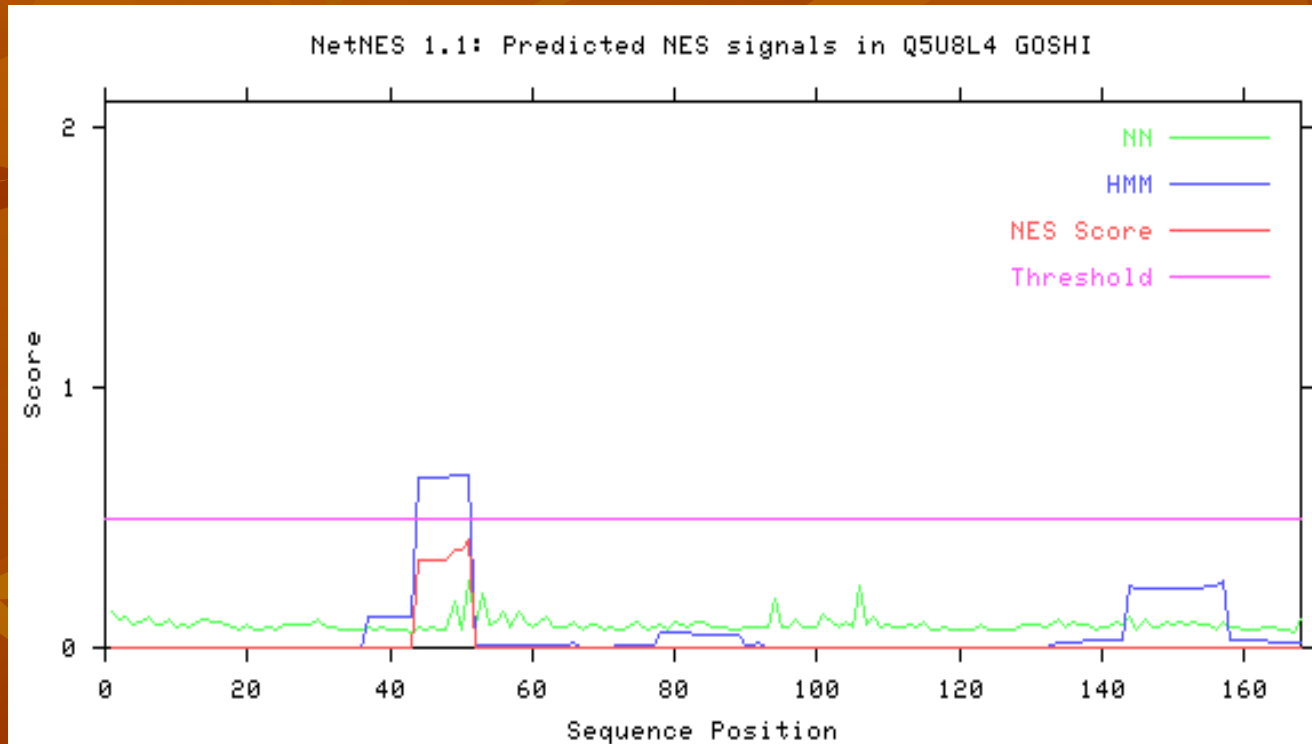
- EMboss中Hmoment软件

HMOMENT of Q5U8L4-GOSHI. Window:10





- EXPASY下的NetNES 预测亮氨酸核输入信号，结果为：



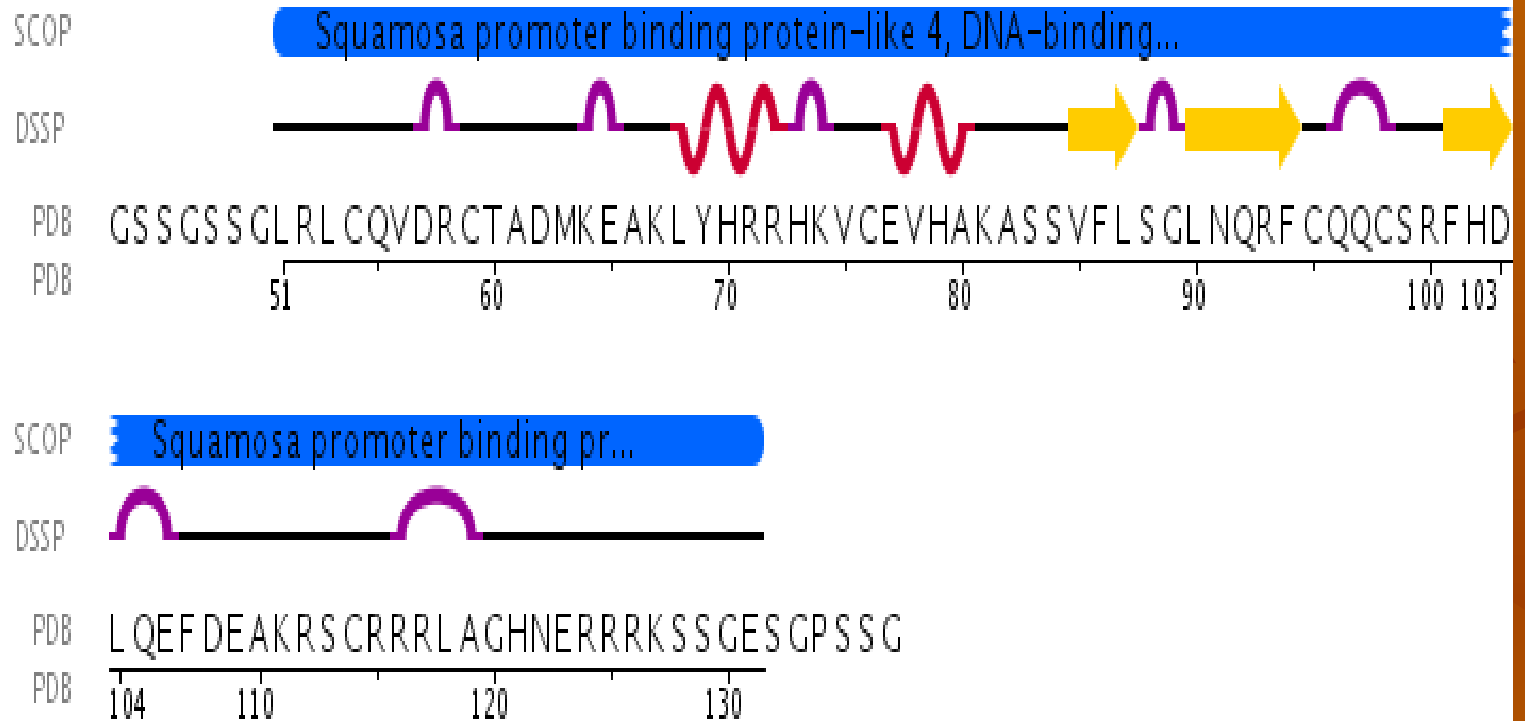
- 可知在前半段45-50那段为核定位信号。

# 二级结构分析

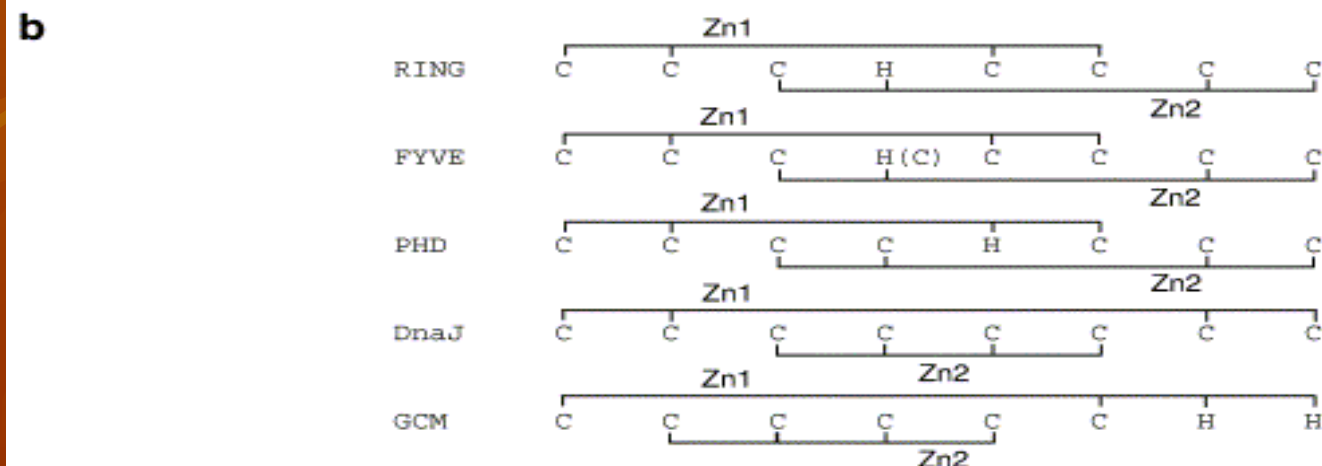
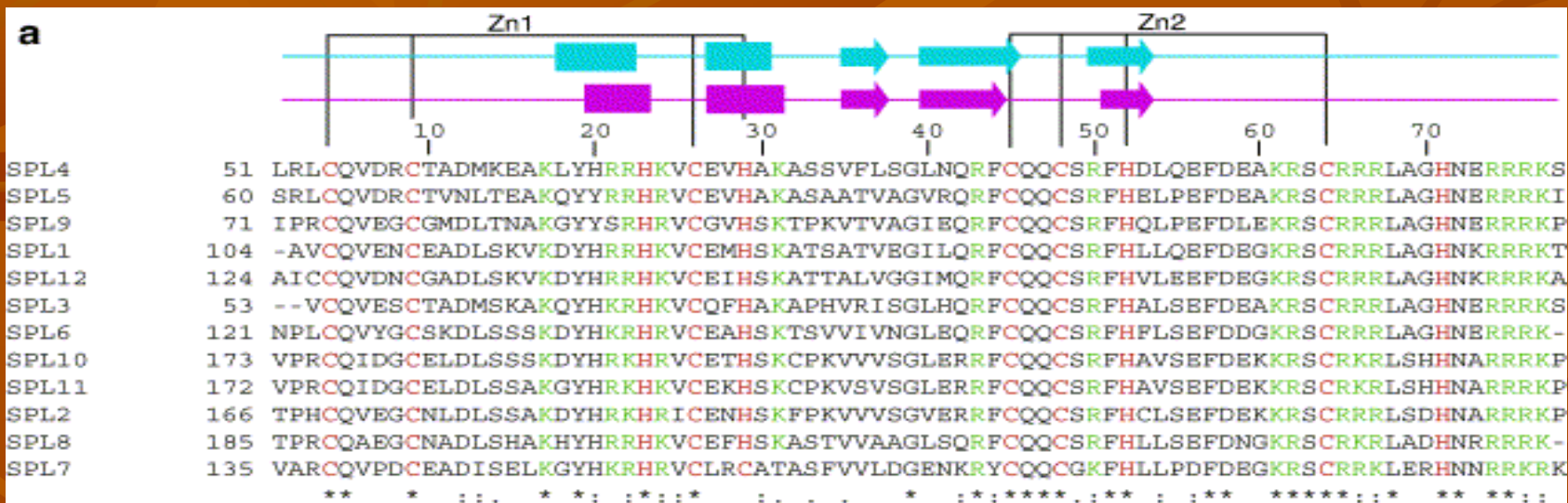
. garnier 显示二级结构

```
      .   10   .   20   .   30   .   40   .   50
      MQEEEEEGVGGDHGFPDDEK KKKGYGRRGAAGGGGGVSPACQVEKCGLD
helix HHHHHHHHH      HHHHHH      HH
sheet                EEEEE      EEEEE
turns          TT      TTTT      TTTT  TT      T
coil           CCCC      C      CCC
      .   60   .   70   .   80   .   90   .  100
      LSDAKRYHRRHKVCEIHAKAPFVVVAGLRQRFCQQCSRFHELPEFDEAKR
helix HHHHHHHH      HHHHHHHH      HH      HHHHHHHH
sheet                EEEE
turns          TTTT      TTTTTTTTTTTT
coil                               CCC
```

# 结构直观图



# 二级结构中的作用位点



# 应用MAGE软件进行多序列比对

Protein Sequences

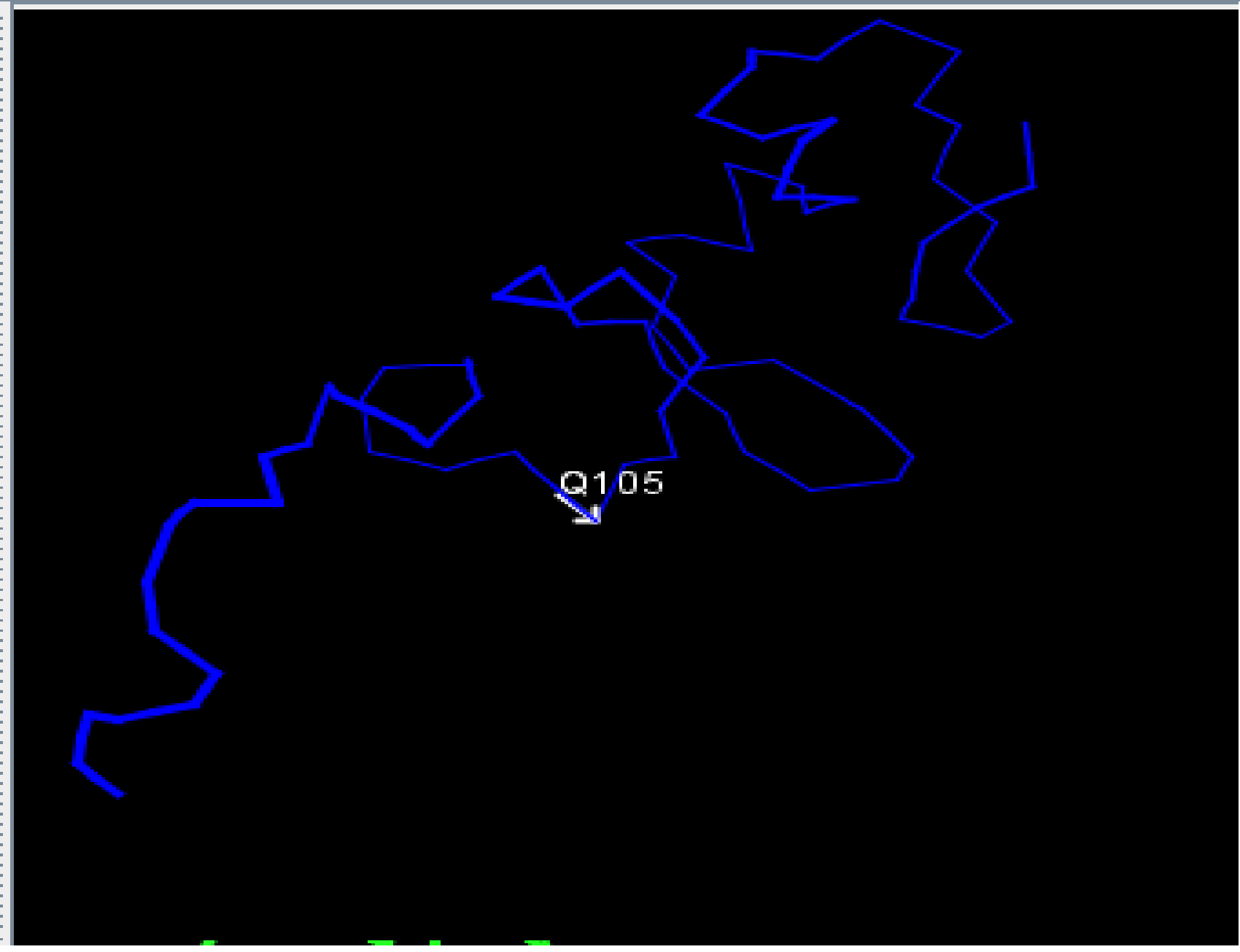
	*			*		*				*		*	*	*	*					*		*	*	*	*	*	*	*	*	*																					
PTGh01183.1	C	Q	V	E	G	C	N	L	D	L	S	S	A	R	D	Y	H	R	K	H	K	V	C	E	N	H	S	K	S	P	K	V	I	V	S	G	L	E	R	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	A	L
PTGh01184.1	C	Q	V	E	G	C	K	V	D	L	I	D	A	K	A	Y	S	R	H	K	V	C	G	M	H	S	K	A	A	K	V	I	V	A	G	L	E	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	Q	L	
PTGh01185.1	C	L	V	D	E	C	N	I	D	L	S	N	C	R	D	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	L	H	S	K	T	A	E	V	M	I	N	G	L	K	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	S	L
PTGh01188.1	C	Q	V	E	G	C	N	L	D	L	S	S	A	K	D	Y	H	R	K	H	R	V	C	E	S	H	S	K	S	P	K	V	I	V	G	G	L	E	L	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	A	L
PTGh01190.1	C	Q	V	E	G	C	E	V	D	L	S	D	V	K	A	Y	A	R	H	K	V	C	V	S	H	S	K	S	P	K	A	I	V	A	G	I	E	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	L	F	
PTGh01189.1	C	Q	V	E	K	C	G	L	D	L	S	E	A	G	R	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	I	H	A	K	A	P	F	V	L	V	A	G	L	R	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	E	L
PTGh01191.1	C	Q	A	D	D	C	G	A	D	L	K	D	A	K	Q	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	P	H	A	K	D	A	F	V	L	V	K	G	I	R	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	E	I
PTGh01192.1	C	Q	V	E	G	C	N	V	I	L	V	N	A	K	D	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	I	H	S	K	A	P	K	V	V	V	L	G	L	E	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	V	H	L	V
PTGh01193.1	C	L	V	D	G	C	I	A	D	L	S	K	C	R	D	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	V	H	S	K	I	P	K	V	S	I	R	G	Q	E	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	S	L
tr Q5U8L4 Q5U	C	Q	V	E	K	C	G	L	D	L	S	D	A	K	R	Y	H	R	R	H	K	V	C	E	I	H	A	K	A	P	F	V	V	A	G	L	R	Q	R	F	C	Q	Q	C	S	R	F	H	E	L	

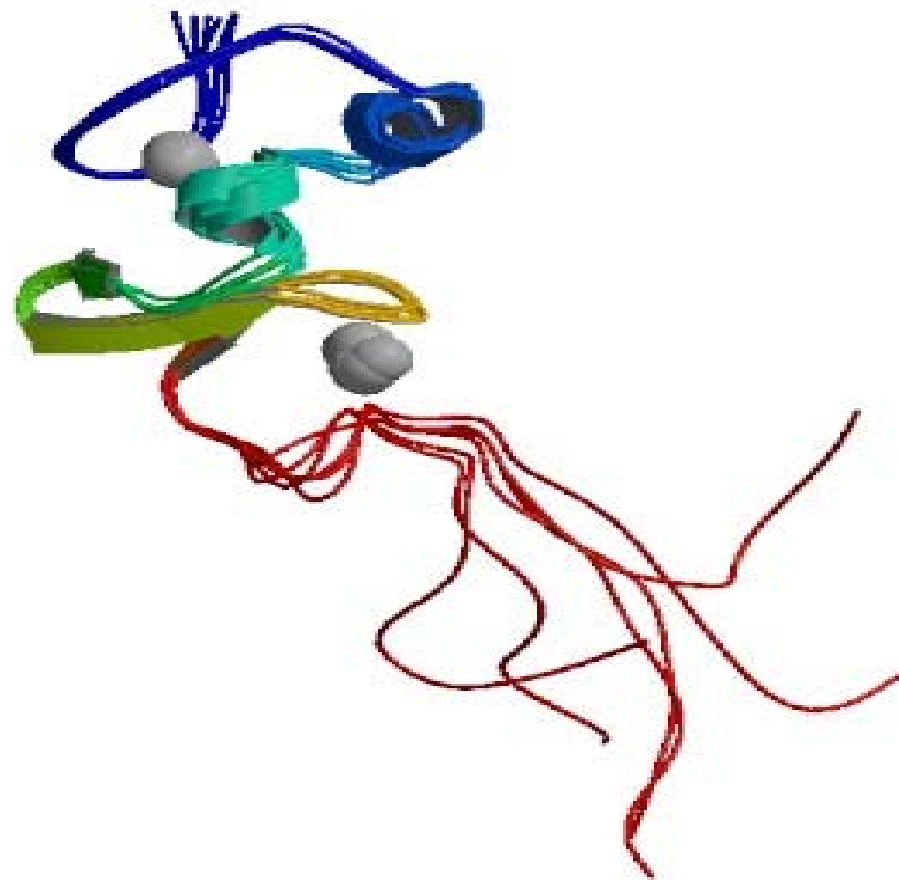
目的序列  
地42位

第67位

# 三、蛋白的三级结构









# 总结

- 1、通过序列对比发现Q5U8L4拥有与其它SBP相似的保守序列，有两个锌离子结合位点。
- 2、SBP与其它的锌指结构的不同在于基序是连续的。
- 3、不足之处是此转录因子的功能有待验证。

谢谢大家