

玉米萜类合成酶（tps）基因 结构和功能分析



汇报人：李圣彦

成员：李超汉，常利芳，李二峰

LOGO



内容提要

▪1. 前言

▪2. 玉米tps基因家族分析

▪3. 玉米TPS10相关生物学分析

▪4. 小结

▪5. 致谢



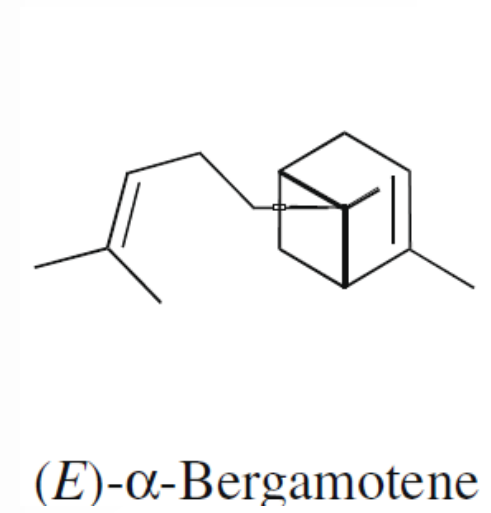
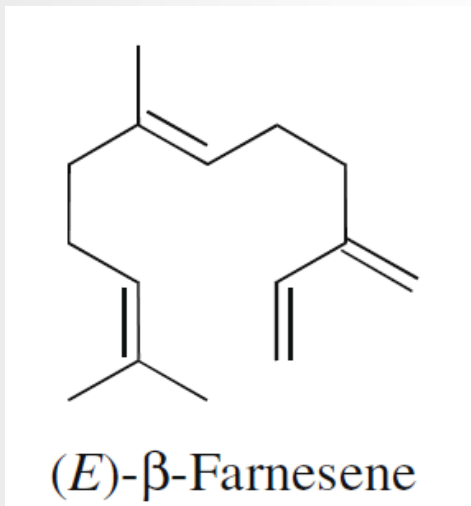
1. 前言

- ❖ 萜类化合物 (**terpenoid**) 是一类由异戊二烯为结构组成单元的天然烃类化合物的统称，其在自然界中分布广泛、种类繁多、结构多样。迄今为止，人们已发现了近**3万种**萜类化合物(**Cane, 2000; Lange et al., 2000**), 其中半数以上是在植物中发现。
- ❖ 它们不仅在植物的生命活动中扮演重要的作用，而且在调节植物与环境之间的关系上发挥重要的生态功能。



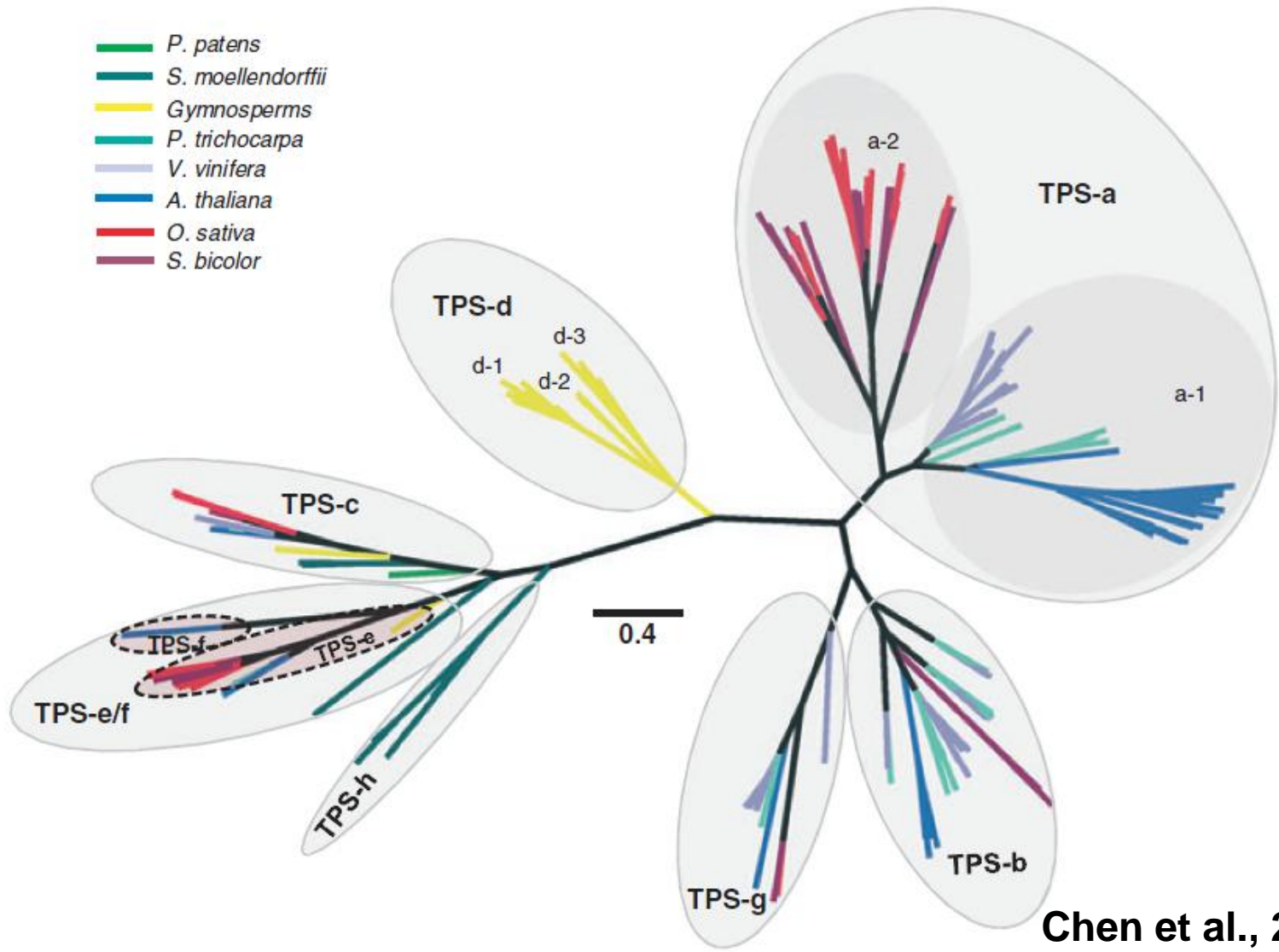
1. 前言

- ❖ 萜类合成酶是合成萜类次生代谢终产物的关键酶。
- ❖ 目前已经在很多植物中克隆出相应的萜类合成酶基因，这些基因的表达的部位以叶居多，也有在花和根中表达，产物主要是挥发性的单萜和倍半萜。





1. 前言





1. 前言

- ❖ 萜类合成酶约有**550~850**个氨基酸，分子量为**50~100kDa**
- ❖ 几乎所有的萜类合成酶都有富含天冬氨酸的**DDxxD**序列，此序列和二价金属离子共同作用以结合底物。



2. 玉米tps基因家族分析

- ❖ 2.1 玉米tps基因家族概况
- ❖ 2.2 Tps家族基因结构
- ❖ 2.3 构建进化树



2.1 玉米tps基因概况

NO.	Gene names	Entry name	Accession	L	Location	Extron
1	TPS1	ACSS_MAIZE	Q84ZW8	590	Chr2	10
2	TPS2	Q29VN2_MAIZE	Q29VN2	581	Chr5	7
3	TPS3	Q29VN1_MAIZE	Q29VN1	574	Chr5	7
4	TPS4	Q6JD71_MAIZE	Q6JD71	460	Chr10	6
5	TPS4	Q6JD73_MAIZE	Q6JD73	554	Chr10	7
6	TPS5	Q6JD69_MAIZE	Q6JD69	554	Chr10	7
7	TPS5	Q6JD72_MAIZE	Q6JD72	554	Chr10	7
8	TPS5	Q6JD70_MAIZE	Q6JD70	554	Chr10	7
9	TPS5	D2KLI5_MAIZE	D2KLI5	863	Chr1	3
10	TPS6	Q5GJ60_MAIZE	Q5GJ60	548	Chr10	7

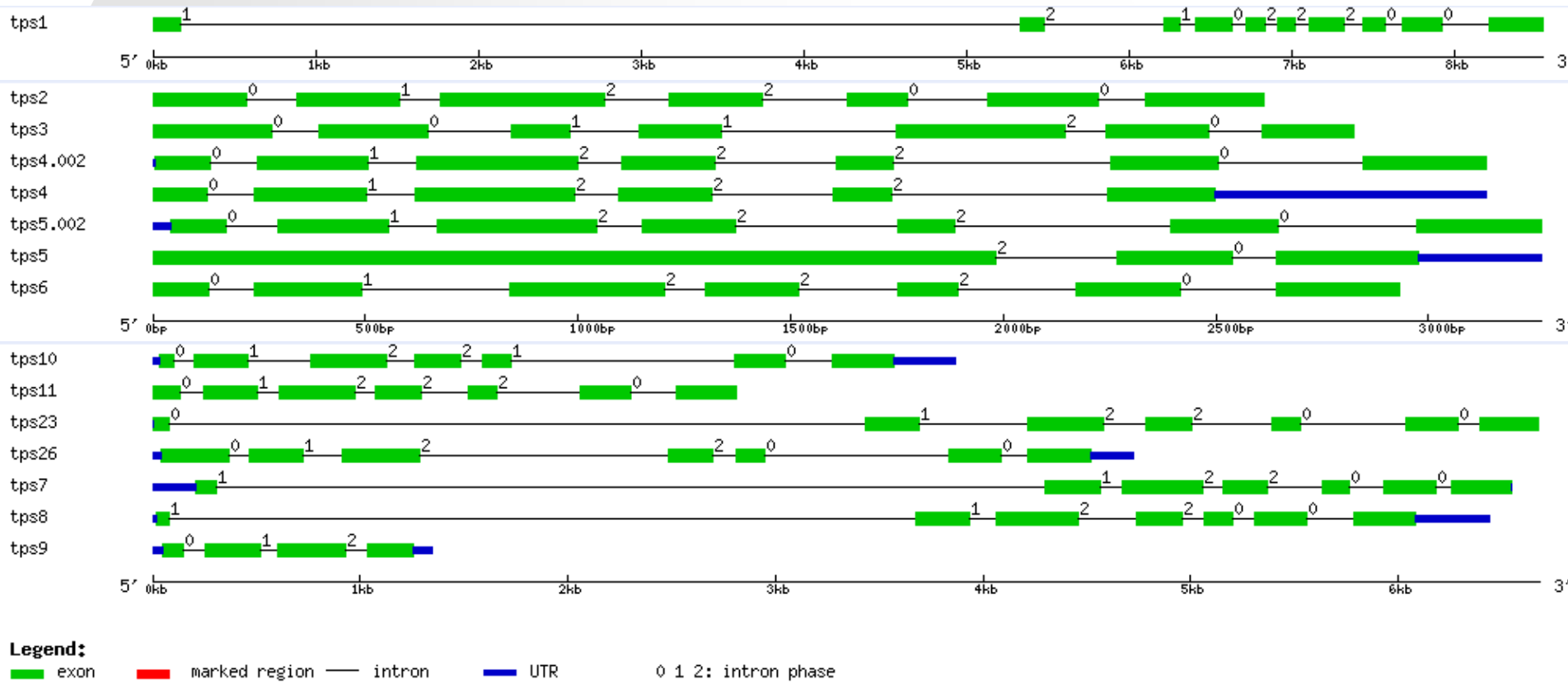


2.1 玉米tps基因概况

NO.	Gene names	Entry name	Accession	L	Location	Extron
11	TPS7	Q5GJ59_MAIZE	Q5GJ59	548	Chr1	7
12	TPS8	Q29VN3_MAIZE	Q29VN3	539	Chr1	7
13	TPS9	Q5GJ58_MAIZE	Q5GJ58	528	Chr10	4
14	TPS10	FARS_MAIZE	Q2NM15	533	Chr10	7
15	TPS11	Q1EG72_MAIZE	Q1EG72	548	Chr10	7
16	tps23	B2C4D0_MAIZE	B2C4D0	547	Chr10	7
17	tps23	B2C4D2_MAIZE	B2C4D2	547	Chr10	7
18	tps26	A5YZT3_MAIZE	A5YZT3	633	Chr6	7
19	tps26	A5YZT5_MAIZE	A5YZT5	627	Chr6	7
20	tps26	A5YZT7_MAIZE	A5YZT7	621	Chr6	7
21	tps26	A5YZT9_MAIZE	A5YZT9	628	Chr6	7



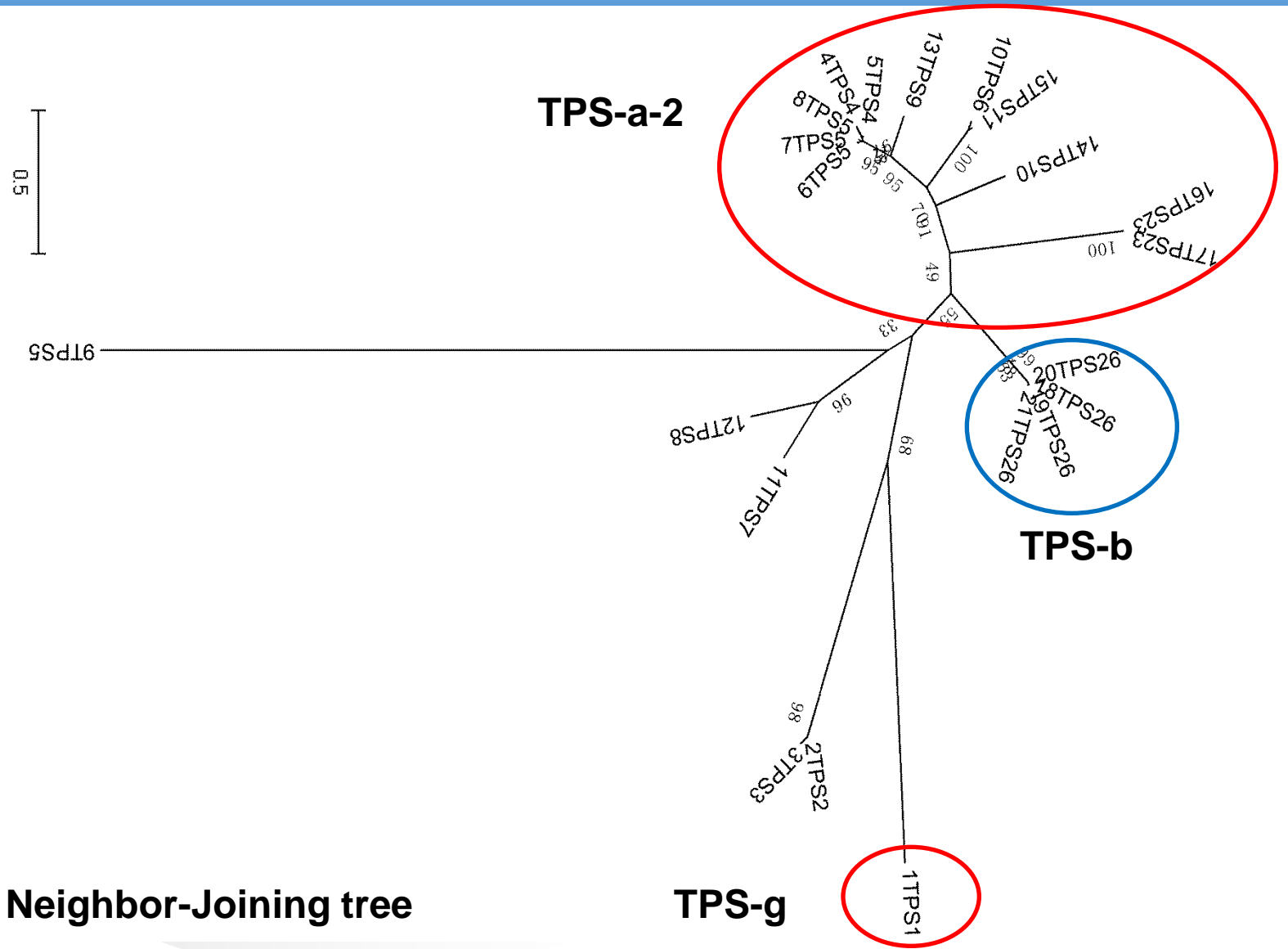
2.2 玉米tps基因结构分析



by GSDS



2.3 玉米tps基因进化树





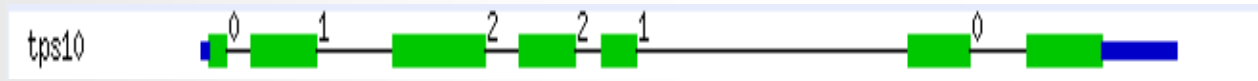
3. 玉米TPS10相关生物学分析

❖ **3.1 玉米TPS10生物信息学分析**

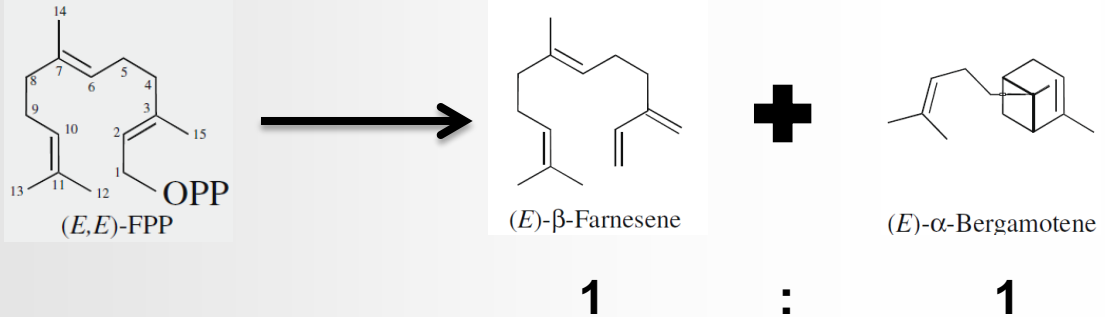
❖ **3.2 不同TPS10（直系同源）的比较分析**



3.1 玉米TPS10生物信息学分析



- ❖ 玉米tps10基因位于玉米10号染色体，含有7个外显子，编码倍半萜环化酶(Sesquiterpene cyclase)，定位于细胞质。
- ❖ 以法尼基焦磷酸(FPP)为底物主要产生(E)-β-farnesene和(E)-α-bergamotene



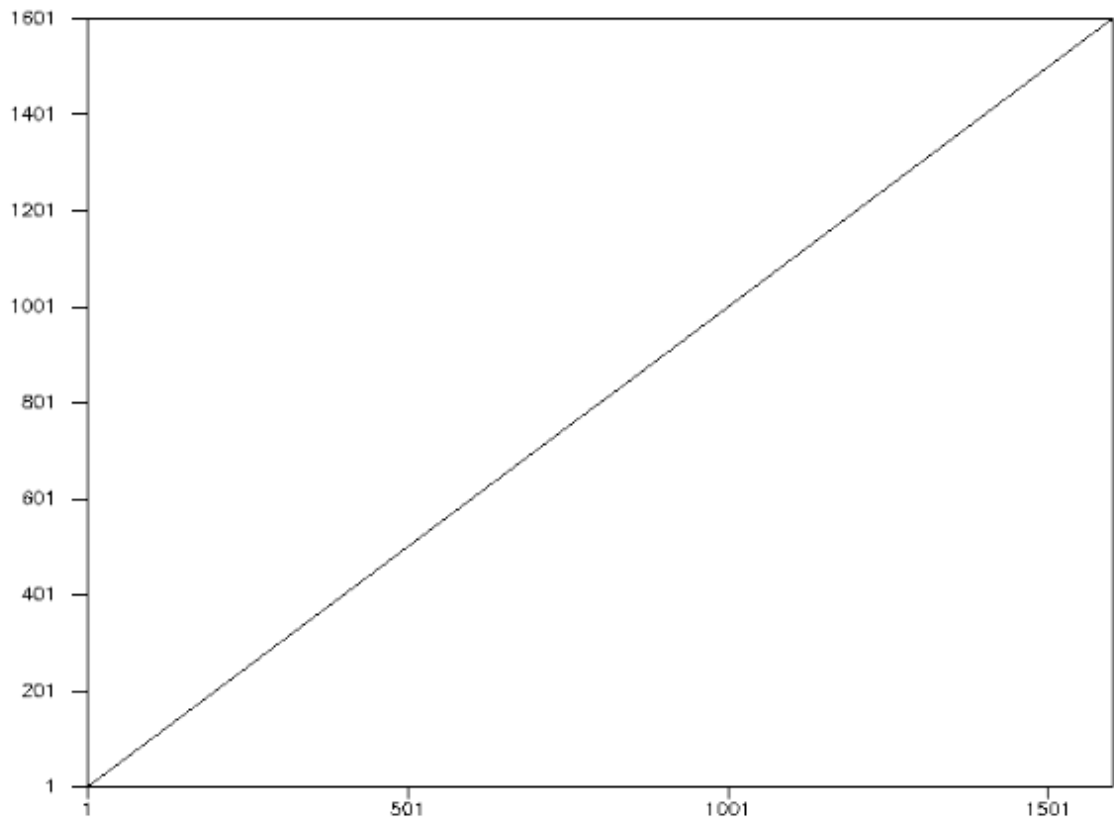
- ❖ Tps10基因是受herbivory诱导表达(Schnee et al., 2006)



3.1 玉米TPS10生物信息学分析

利用 **dottup**检测玉米**tps10**基因重复度

Dottup: fasta::493196:AY928078.1 vs fasta::493196:AY9280...
Wed 21 Dec 2011 19:47:25



AY928078.1



3.1 玉米TPS10生物信息学分析

玉米TPS10氨基酸组成分析(Pepstats)

Residue	Swissprot %	Number	Mole %	Residue	Swissprot %	Number	Mole %
A = Ala	8.26	37	6.942	M = Met	2.42	17	3.189
C = Cys	1.36	10	1.876	N = Asn	4.06	18	3.377
D = Asp	5.46	32	6.004	P = Pro	4.7	17	3.189
E = Glu	6.75	47	8.818	Q = Gln	3.93	13	2.439
F = Phe	3.86	24	4.503	R = Arg	5.53	26	4.878
G = Gly	7.08	19	3.565	S = Ser	6.55	32	6.004
H = His	2.27	15	2.814	T = Thr	5.34	41	7.692
I = Ile	5.97	27	5.066	V = Val	6.87	27	5.066
L = Leu	9.66	66	12.383	W = Trp	1.08	8	1.501
K = Lys	5.85	33	6.191	Y = Tyr	2.92	24	4.503



3.1 玉米TPS10生物信息学分析

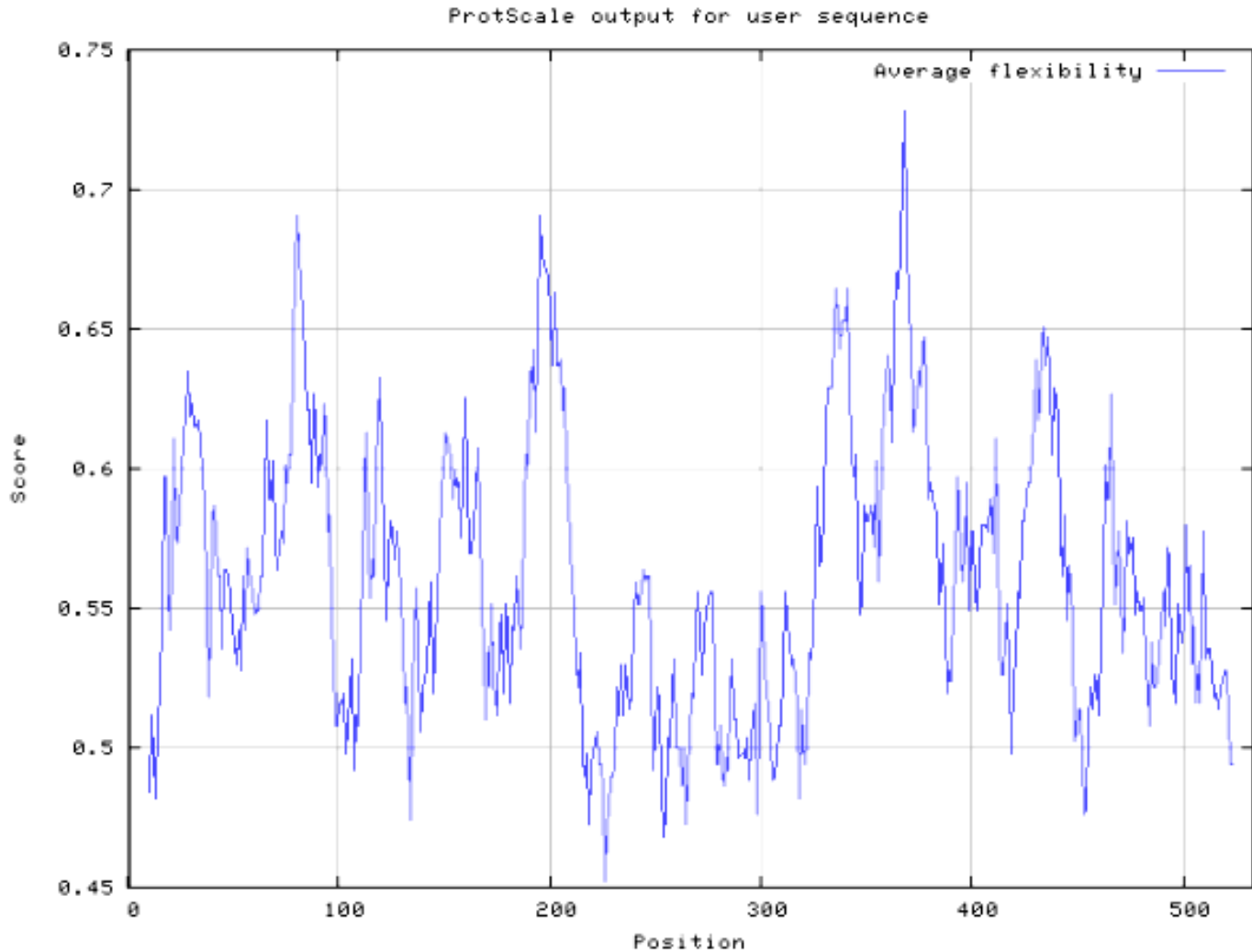
玉米TPS10氨基酸组成分析(Pepstats)

非极性	A+C+F+G+I+L+M+P+V+W+Y	276	51.78%
极性	D+E+H+K+N+Q+R+S+T	257	48.22%
带电	D+E+H+K+R	153	28.71%
带正电	K+R+H	74	13.88%
带负电	D+E	79	14.82%



3.1 玉米TPS10生物信息学分析

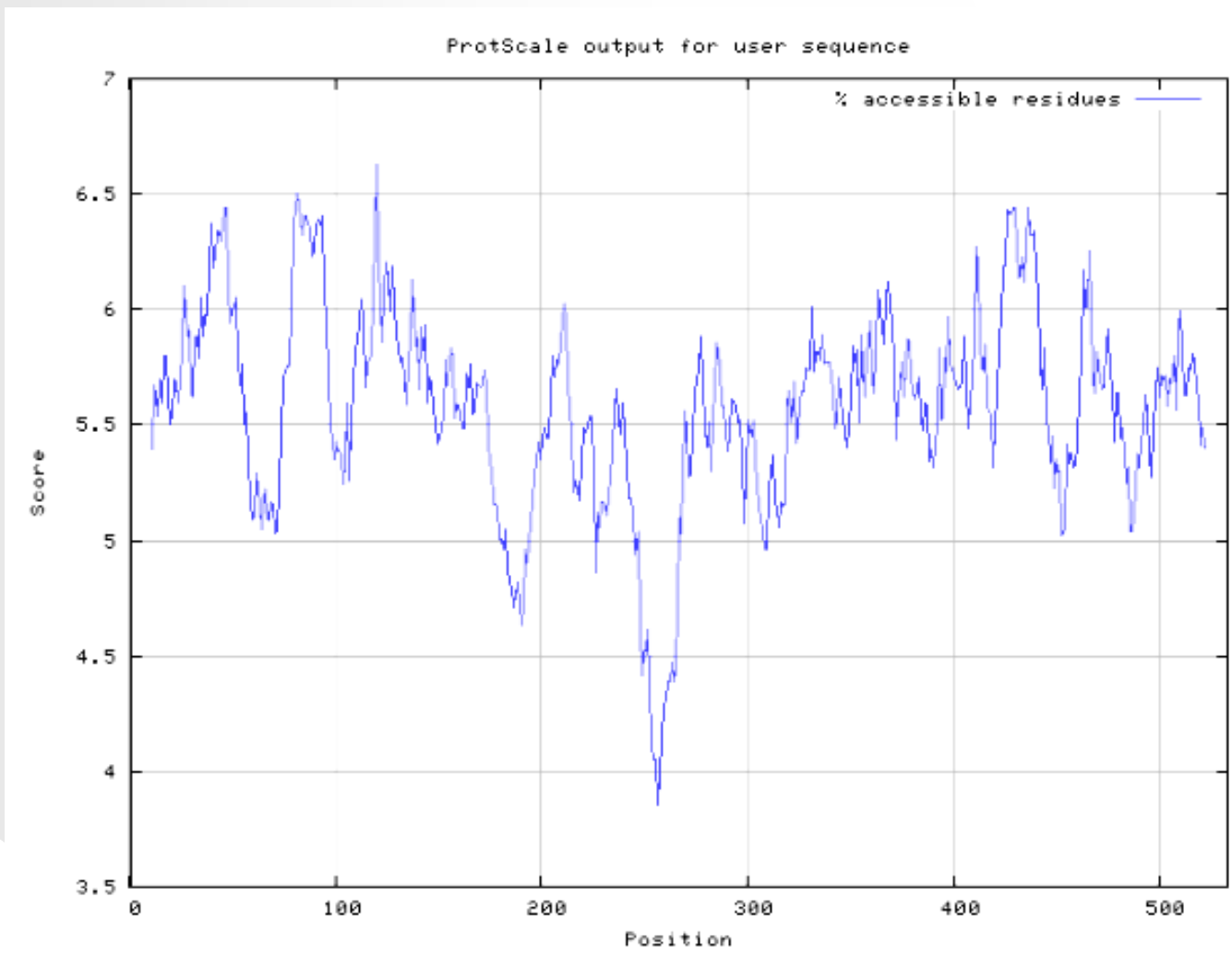
玉米TPS10序列柔性分析





3.1 玉米TPS10生物信息学分析

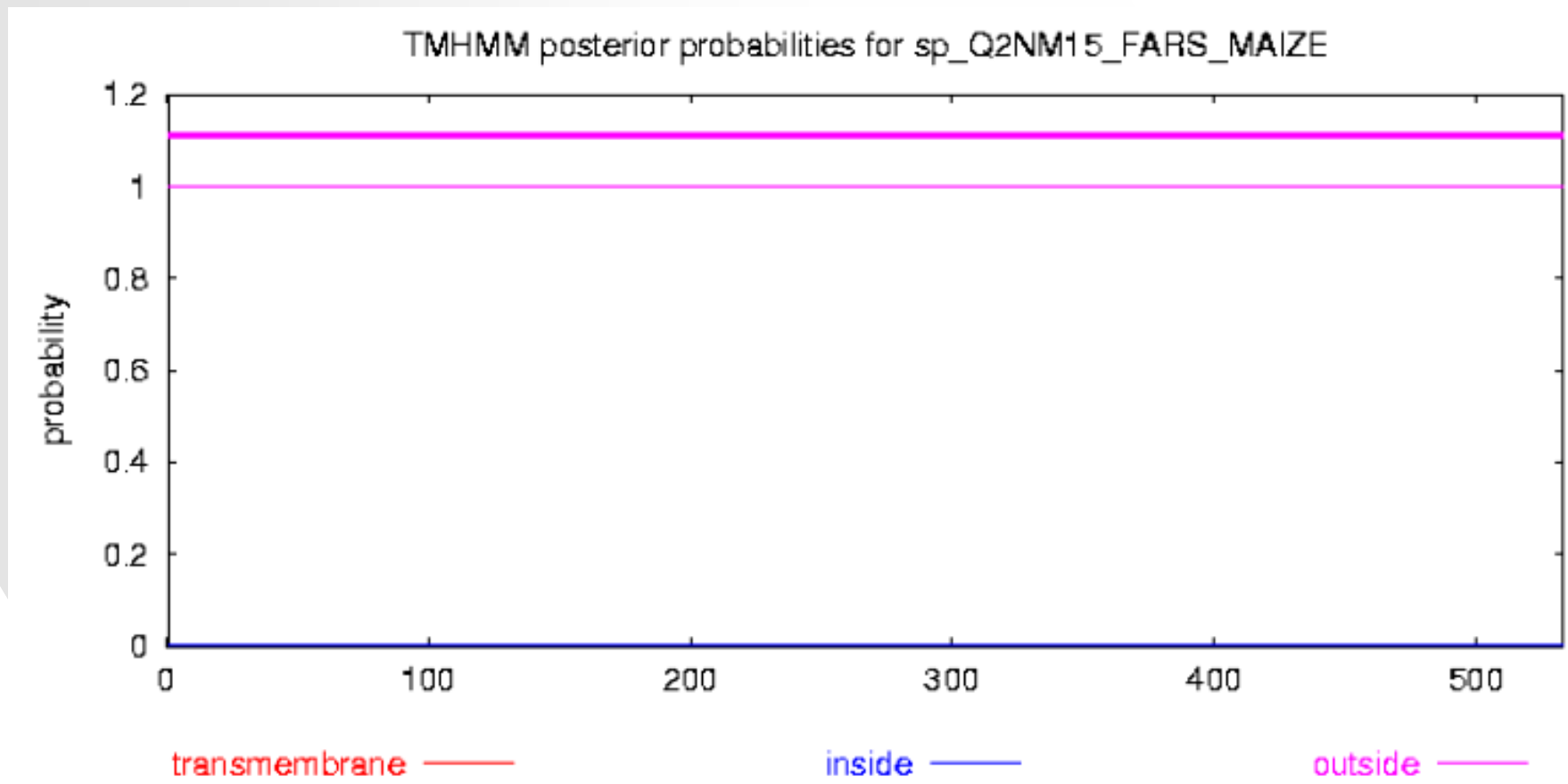
玉米TPS10序列溶剂可及性分析





3.1 玉米TPS10生物信息学分析

玉米TPS10跨膜结构预测





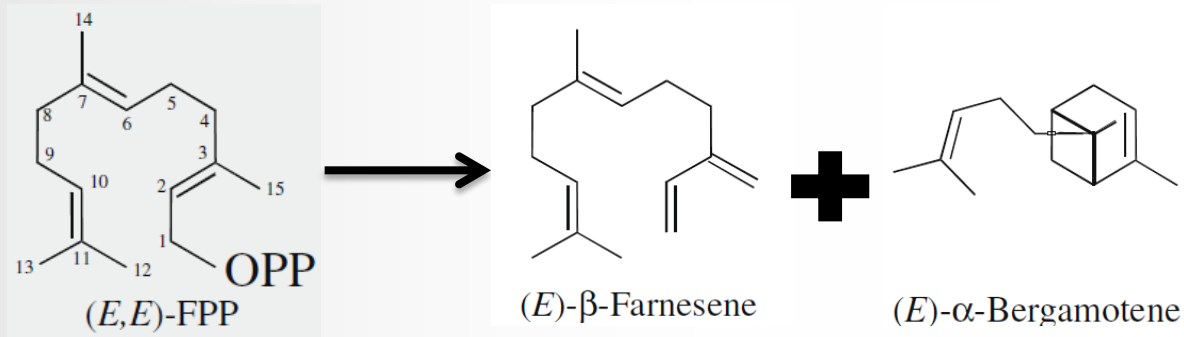
3.2 不同TPS10的比较分析

- ❖ TPS10-B73 (*Zea mays*)
- ❖ TPS10-mex (*Zea mays mexicana*)
- ❖ TPS10-hue (*Zea mays huehuetenangensis*)

- ❖ TPS10-dip (*Zea diploperennis*)
- ❖ TPS10-per (*Zea perennis*)



3.2 不同TPS10的比较分析



- ❖ 1:1 (TPS10-B73, TPS10-mex, TPS10- hue) (Schnee et al., 2006)
- ❖ 6:1 (TPS10-dip, TPS10-per) (Gouinguéné et al., 2001)





3.2 不同TPS10的比较分析

❖ 从NCBI中提取这五个TPS10的氨基酸序列，进行多序列比对同时构建进化树。

AAX99146 (TPS10-B73)

ACT37403 (TPS10-mex)

ID: ACT37404 (TPS10-hue)

ACT37406 (TPS10-dip)

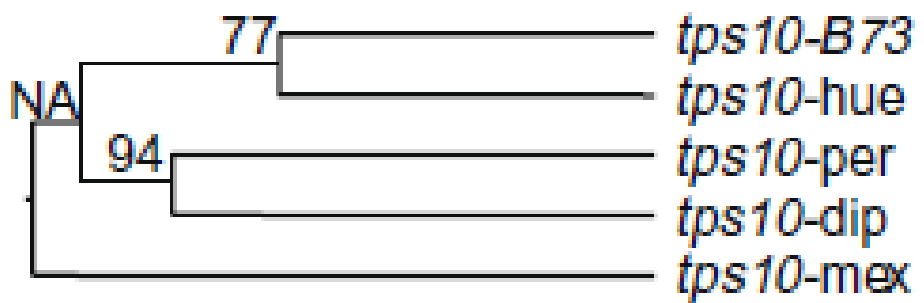
ACT37405 (TPS10-per)



3.2 不同TPS10的比较分析

	240		<u>DDxxD</u>	319
TPS10-B73	KQLNVETNLSFIRDRIVECHFWMTGACCEPQYSLSRVIATKMTALITVLDDMMDTYSTTEEAMLLAEAIYRWEENAEL			
TPS10-mex	KQLNVETNLSFIRDRIVECHFWMTGACCEPQYSLSRVIATKMTALITVLDDMMDTYSTTEEAMLLAEAIY G WEENAEL			
TPS10-hue	KQLNVETNLSFIRDRIVECHFWMTGACCEPQYSLSRVIATKMTALITVLDDMMDTYSTTEEAMLLAEAIYRWEENAEL			
TPS10-dip	KQLNVETNLSFIRDRIVECHFWMTGACCEPQYSLSRVIATKMTALITVLDDMMDTYSTTEEAMLLAEAIYRWE S AEL			
TPS10-per	KQLNVETNLSFIRDRIVECHFWMTGACCEP R YSLSRVIATKMTALITVLDDMMDTYSTTEEAMLLAEAIYRWEENAEL			

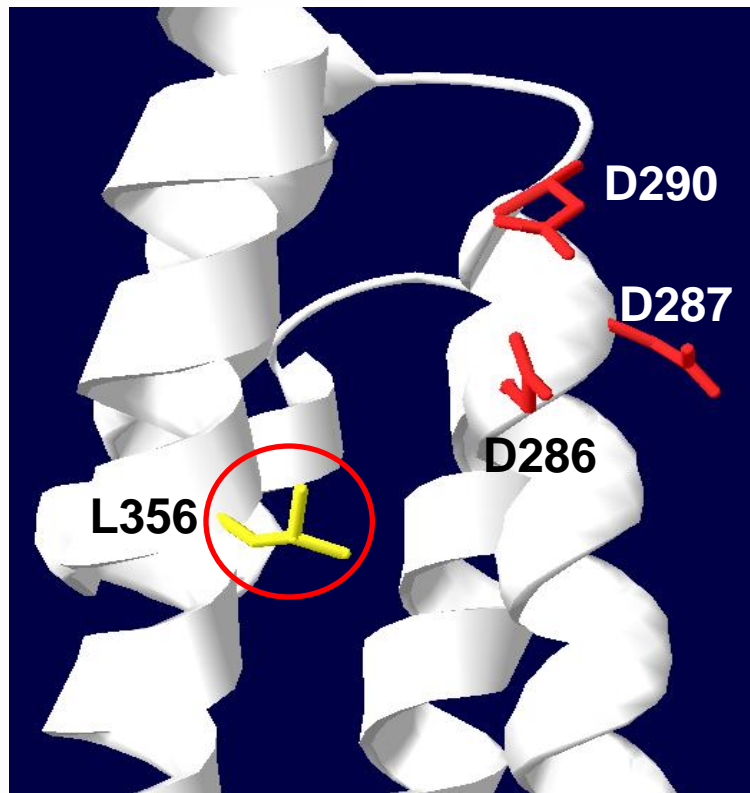
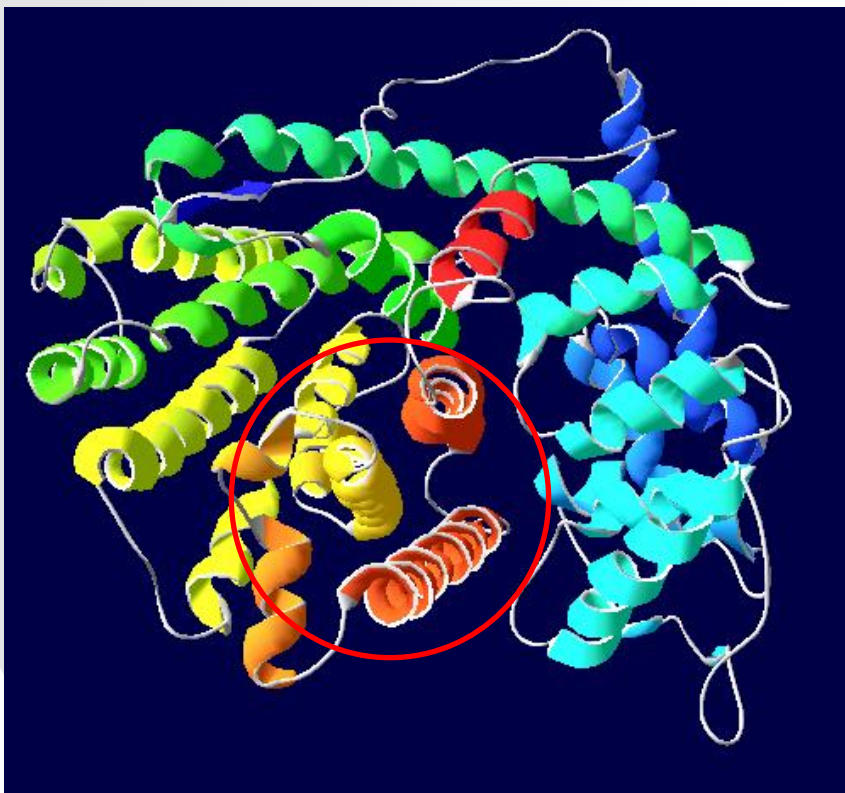
	320		356	
TPS10-B73	L P RYMKDFYLYLLKTIDSCGDELGPNRSFRTFYLKEMLK V LVRGSSQEIKWRNENYVPKTISEHLEHSGPTVGAFQVAC			
TPS10-mex	LPGYMKDFYLYLLKTIDSCGDELGPNRSFRTFYLKEMLK V LVRGSSQEIKWRNENYVPKTISEHLEHSG P SVGAFQVAC			
TPS10-hue	LPGYMKDFYLYLLKTIDSCGDELGPNRSFRTFYLKEMLK V LVRGSSQEIKWRNENYVPKTISEHLEHSGPTVGAFQVAC			
TPS10-dip	LPGYMKDFYLYLLKTIDSCGDELGPNRSFRTFYLKEMLK V LVRGSSQEIKWRNENYVPKTISEHLEHSGPTVGAFQVAC			
TPS10-per	LPGYMK H FYLYLLKTIDSCG G ELGPNRSFRTFYLKEMLK V LVRGSSQEIKWRNENYVPKTISEHLEHSGPTVGAFQVAC			



序列相似性**96-98%**



3.2 不同TPS10的比较分析



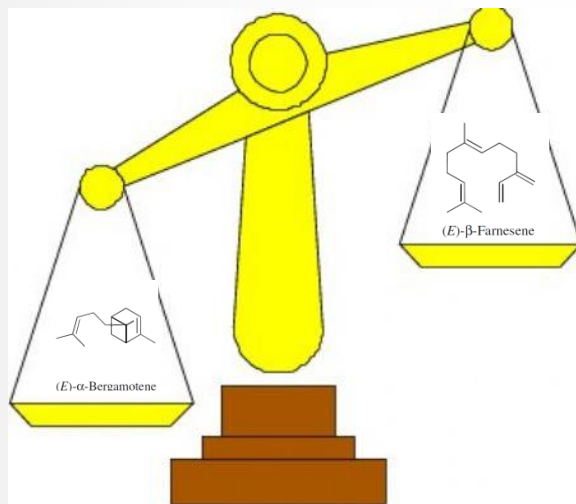
模板为: (+)-delta-Cadinene Synthase A链 (3g4dA)
模拟残基范围: 4-532



3.2 不同TPS10的比较分析

❖ 通过比较预测可能是处于活性位点的**356**位氨基酸发生变化，结果导致两种产物量的不同。

❖ L356 ↔ F356



❖ 通过点突变实验，证实的确是由于**356**位的氨基酸发生改变导致两种产物量的不同 (Köllner et al., 2009)。



4. 小结

- ❖ 简单介绍如何利用生物信息学数据库和软件工具，对玉米**tps**基因的基因结构、蛋白质序列、蛋白质结构等进行分析。
- ❖ 通过学习掌握利用生物信息学的方法分析和解决问题。



致谢

- ❖ **衷心感谢罗老师的辛勤教导!**
- ❖ **感谢各位同学的帮助!**
- ❖ **感谢我们小组的成员!**



Thank You !

LOGO