



田熙,薛波,徐成龙,等.烟草泛素激活酶 E1 生物信息学分析[J].黑龙江农业科学,2019(6):1-3,4.

烟草泛素激活酶 E1 生物信息学分析

田熙¹,薛波¹,徐成龙²,杨彦明³,王德勋⁴,卢艳霞⁴,苏家恩⁴

(1.大理州烟草公司漾濞县分公司,云南漾濞 672500;2.大理州烟草公司祥云县分公司,云南祥云 672100;3.大理州烟草公司洱源县分公司,云南洱源 671200;4.云南省烟草公司大理州公司,云南大理 671000)

摘要:为从生物信息学的角度研究烟草泛素激活酶 E1,使用 Sopma、Swiss model 和 Meme 工具分析烟草泛素激活酶 E1 序列的二级结构、空间结构和保守基序。结果表明:烟草泛素激活酶 E1 的各成员中,以 NtUAE2 的 α -螺旋含量最大,空间结构较为稳定;烟草泛素激活酶 E1 空间结构的主体结构具有 3 个分支,功能域位于其间,NtUAE1 和 NtUAE2 空间结构模板为 6dc6. 2. A;NtUAE3 的模板为 3cmm. 2. A;烟草泛素激活酶 E1 的保守基序中,Motif 3 和 Motif 4 为泛素激活酶的催化半胱氨酸结构域。

关键词:烟草;泛素激活酶 E1;生物信息学

烟草在调制过程中,需经过高温的胁迫,加速烟叶组织的物质代谢^[1],然而在烘烤的过程中,有部分组织结构破损,蛋白失活等,甚至为烟叶霉变创造条件^[2],而泛素激活酶 E1 有清除受损蛋白和改善受损组织的作用^[3-4],此外,泛素激活酶 E1 具有降解受损和病变细胞,而该途径需要 ATP 提供能量,经活化后,与 26S 相结合,共同执行该功能^[5-6]。为此,本研究对烟草泛素激活酶 E1 进行生物信息学分析,从分子程度上对烟草泛素激活酶 E1 进行了解,为后续相关研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 烟草泛素激活酶 E1 氨基酸序列的获取

通过 NCBI^[7],获取序列号为 NP_001312347、NP_001312902 和 CAA71762 的草烟泛素激活酶 E1,分别命名为 NtUAE1、NtUAE2 和 NtUAE3^[8]。

1.2 方法

使用 Sopma、Swiss model 和 Meme 工具^[9-11],分析烟草泛素激活酶 E1 序列的二级结构、空间结构和保守基序。

2 结果与分析

2.1 烟草泛素激活酶 E1 的二级结构

烟草泛素激活酶 E1 的二级结构的含量及其分布,决定空间结构的折叠和功能,为此对烟草泛素激活酶 E1 的二级结构进行分析(表 1)。NtUAE1 以 α -螺旋的二级结构所占比例最多,占比为 43.84%,其数量为 160 个,其次为无规则卷曲的二级结构,占比为 32.05%,数量为 117 个,之后为 β -折叠的二级结构,占比为 15.62%,数量为 57 个,所占比例最少的为 β -转角,比值为 8.49%,数量为 31 个;NtUAE2 二级结构所占比重由大至小的顺序与 NtUAE1 相同,即 α -螺旋、无规则卷曲、 β -折叠和 β -转角,其所占比值(数量)分别为 44.78%(163 个)、32.97%(120 个)、15.38%(56 个)和 6.87%(25 个);NtUAE3 各二级结构所占比重和数量分别为: α -螺旋比值 43.96%(160 个),无规则卷曲比值 35.44%(129 个), β -折叠比值 14.29%(52 个)和 β -转角 8.49%(31 个)。NtUAE1、NtUAE2 和 NtUAE3 各类二级结构均呈现较为分散的状态,无明显的分布规律。

2.2 烟草泛素激活酶 E1 的空间结构

通过分析烟草泛素激活酶 E1 空间结构,可更加直观地显示其功能结构域所处于的位置,结果如图 1 所示。图 1-A 的 NtUAE1 序列经过多次比对,并筛选模板,获取 NtUAE1 的空间结构,NtUAE1 共获取五个序列模板,分别为 6dc6. 2. A、1y8q. 1. A、1y8q. 2. B、2nvu. 1. A 和 3dbl. 1. B,前 3 组模板与 NtUAE1 的相似性分别为 42%、38%和 36%,后两组模板与其相似性均为 32%,

收稿日期:2018-12-28

基金项目:云南省烟草公司科技项目(2017YN23)。

第一作者简介:田熙(1974-),男,学士,助理农艺师,从事烟叶生产技术和推广。E-mail:3619215306@qq.com。

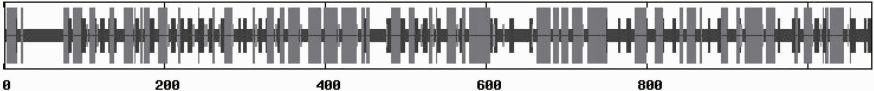
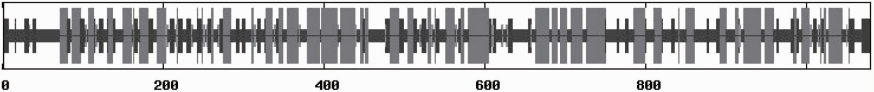
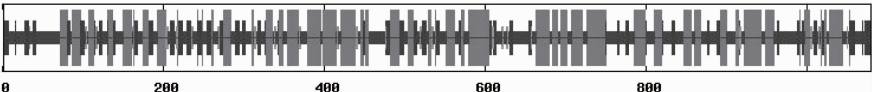
通讯作者:苏家恩(1976-),男,硕士,高级农艺师,从事烟叶烘烤技术和烤房研究和推广工作。E-mail:705763042@qq.com。

但覆盖率有所不同,2nvu. 1. A 为 24. 93%,而 3dbl. 1. B 为 24. 74%,NtUAE1 的空间结构主要由 99 组 β 转角、43 组 α -螺旋合 43 组 β -折叠组成,NtUAE1 空间结构呈现以下端为主体,并向上和左右伸出 3 个分支,其功能结构域可能中间;图 1-B 显示,NtUAE2 筛选出三组模板,分别为 6dc6. 2. A、5um6. 1. A 和 2px9. 1. A,前两组模板的相似性均为 42%,但覆盖率有所不同,分别为 45. 69%和 44. 14%,第三组模板于 NtUAE2 相似

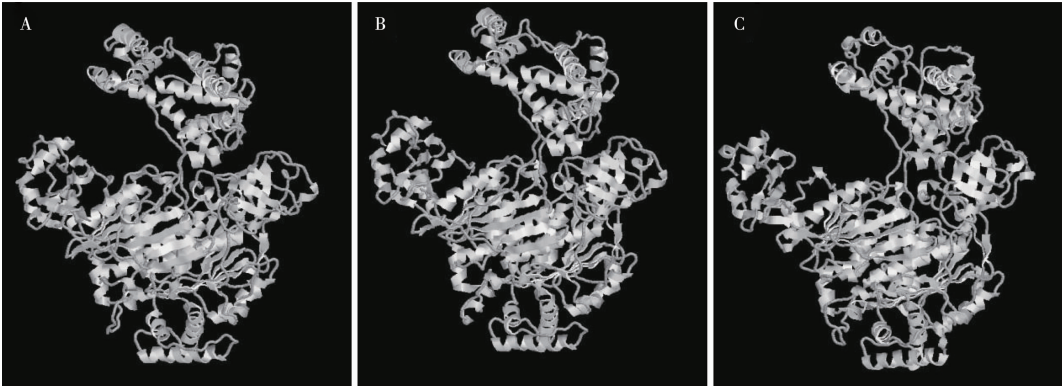
性为 31%,NtUAE2 的空间结构由 100 组 β 转角、44 组 α -螺旋合 43 组 β -折叠组成,其空间结构的分布状态与 NtUAE1 相似;图 1-C 显示,NtUAE3 筛选出 4 组模板,分别为 3 cmm. 2. A、3kyd. 1. B、1y8q. 2. B 和 1y8r. 2. B,其相应模板的相似性分别 42%、37%、36%和 32%,NtUAE3 的空间结构由 97 组 β 转角、49 组 α -螺旋合 48 组 β -折叠组成,其形态与 NtUAE1 相似。

表 1 烟草泛素激活酶 E1 的二级结构

Table 1 Secondary structure of tobacco ubiquitin activating enzyme E1

名称 Name	二级结构 Secondary structure
NtUAE1	
NtUAE2	
NtUAE3	

纵向线条由长到短,依次表示为 α -螺旋、 β -折叠、 β -转角和无规则卷曲。
The longitudinal lines are long to short, which are represented as α -helix, β -fold, β -turn and random curl.



A: NtUAE1; B: NtUAE2; C: NtUAE3.

图 1 烟草泛素激活酶 E1 的空间结构

Fig. 1 Spatial structure of tobacco ubiquitin activating enzyme E1

2. 3 烟草泛素激活酶 E1 的保守基序

为检测烟草泛素激活酶 E1 保守基序的准确性,仅设定检测其序列的 6 个保守基序,分析烟草泛素激活酶 E1 保守基序的结果如图 2 所示。依据保守基序与序列相应片段的相似度和覆盖度对其进行命名 Motif 1~6,经检测,其保守基序的相

应序列如表 2 所示。泛素激活酶 E1 各成员的保守基序排列顺序为 Motif 6、Motif 5、Motif 1、Motif 3、Motif 4 和 Motif 2,其排列位置均较为相似,Motif 6 和 Motif 5 可能属于 THIF 型/FAD 结合折叠结构域,Motif 1、Motif 3 和 Motif 4 可能属于泛素激活酶的催化半胱氨酸结构域,

Motif 2可能属于遍在蛋白激活酶 E1 的 C 端结 构域。

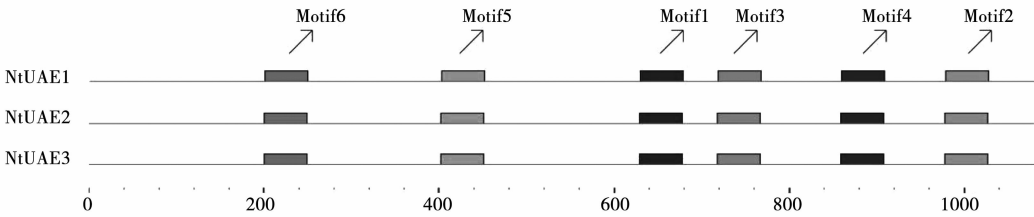


图 2 烟草泛素激活酶 E1 的保守基序
Fig. 2 Conserved motif of tobacco ubiquitin-activating enzyme E1

表 2 烟草泛素激活酶 E1 的保守序列

Table 2 Conserved sequence of tobacco ubiquitin activating enzyme E1

名称 Name	保守序列 Conserved sequence
Motif 1	C N T Q M V I P H L T E N Y G A S R D P P E K Q A P M C T V H S F P H N I D H C L T W A R S E F E G
Motif 2	H Q D M N W T V W D R W I L K D N P T L R E L L Q W L Q N K G L N A Y S I S Y G S C L L Y N S M F P
Motif 3	E C L D K E R C D T F Q D C I T W A R L R F E D Y F A D R V K Q L T F T F P E E A T T S S G A P F W
Motif 4	V M K L E T C R Q K L P S G Y K M N P I Q F E K D D D T N Y H M D L I A G L A N M R A R N Y S I P E
Motif 5	E I D Q K L L R N F A F G A R A V L N P M A A M F G G I V G Q E V V K A C S G K F H P L Y Q F F Y F
Motif 6	Y C H Q H Q P P I A F I K A E V R G L F G S V F C D F G P E F T I A D V D G E D P H T G I I A S I S

3 结论与讨论

烟草泛素激活酶 E1 的各成员均以 α -螺旋所占比重大,因 α -螺旋所含氢键较多,所以各成员的空间结构较为稳定^[12],而 NtUAE2 相对于其他成员, α -螺旋所占比最大,表明 NtUAE2 的空间结构最为稳定;烟草泛素激活酶 E1 各成员的空间结构呈现一个主体和 3 个分支的状态,因此,推测 3 个分支可能用于固定底物,使其不易脱落,进行催化底物反应^[13],NtUAE1 和 NtUAE2 空间结构模板较为一致,推测两者执行的功能可能较为相似,而 NtUAE3 与上述两者的模板有所不同,表明 NtUAE3 的功能可能具有特异性;烟草泛素激活酶 E1 的各成员保守基序较为一致,表明 NtUAE1、NtUAE2 和 NtUAE3 的进化较为保守^[14]。

参考文献:

[1] 宫长荣. 烟草调制学[M]. 北京:中国农业出版社,2011: 207-223.

[2] 陈二龙,苏家恩,范志勇,等. 烘烤过程中霉变烟叶主脉超微结构的变化[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版),2017, 43(6):626-629.

[3] 龙须菜泛素激活酶和泛素结合酶基因克隆及热激下表达模式分析[D]. 青岛:中国海洋大学,2012.

[4] Johnson E S, Bartel B, Seufert W, et al. Ubiquitin as a degradation signal[J]. Embo Journal, 1992, 11(2):497-505.

[5] 张绍进. 泛素激活酶 Uba1 对细胞自噬的调节机理研究[D]. 武汉:华中农业大学,2012.

[6] Miao H X, Qin Y H, Ye Z X, et al. Molecular characterization and expression analysis of ubiquitin-activating enzyme E1 gene in *Citrus reticulata* [J]. Gene, 2013, 513 (2): 249-259.

[7] Barkley R A. Behavioral inhibition, sustained attention, and executive functions: constructing a unifying theory of ADHD[J]. Psychological Bulletin, 1997, 121(1):65-94.

[8] 陈二龙, 范志勇, 王松峰, 等. 烟草 *Hsp70* 基因家族的鉴定及 *NtHsp70Chl* 基因的表达分析[J]. 中国烟草科学, 2018, 39(2):8-16.

[9] Findeisen F, Jr D L M. Disruption of the IS6-AID linker affects voltage-gated calcium channel inactivation and facilitation[J]. Journal of General Physiology, 2009, 133 (3): 327-343.

[10] Peitsch M C, Herzyk P, Wells T N, et al. Automated modelling of the transmembrane region of G-protein coupled receptor by Swiss-model[J]. Receptors Channels, 1996, 4(3):161-164.

[11] Bailey T L, Williams N, Misleh C, et al. MEME: Discovering and analyzing DNA and protein sequence motifs[J]. Nucleic Acids Research, 2006, 34 (Web Server issue): 369-373.

[12] 费英, 韩敏义, 杨凌寒, 等. pH 对肌原纤维蛋白二级结构及其热诱导凝胶特性的影响[J]. 中国农业科学, 2010, 43(1):164-170.

[13] 茹大季. 泛素特异性蛋白酶 USP2 和 USP8 催化机制和底物特异性研究[D]. 长春:东北师范大学,2011.

[14] 汤贤春, 钱倩, 罗才林, 等. 千里光脂肪醛脱羧基酶(CER1 蛋白)的保守基序(CSM)与功能结构域分析[J]. 生命科学, 2016, 20(5):395-400.



刘立超,谢树鹏,门龙楠,等. 绥梗系列水稻品种系谱及衍生品种[J]. 黑龙江农业科学,2019(6):4-6.

绥梗系列水稻品种系谱及衍生品种

刘立超,谢树鹏,门龙楠,符 强

(黑龙江省农业科学院 绥化分院,黑龙江 绥化 152052)

摘要:1992-2018 年黑龙江省农业科学院绥化分院共引种、选育绥梗系列水稻品种 29 个。为更好地利用水稻重要种质资源,本文采用系谱图法对绥梗系列水稻品种系谱来源及衍生的一系列水稻品种进行了总结。

关键词:水稻;绥梗系列;系谱;衍生品种

黑龙江省农业科学院绥化分院通过正确的亲本选配,找准优良性状互补与累加效应显著的亲本,成功选育出一系列水稻新品种,创制出多优集成、配合力极强的核心种质绥梗 3 号和绥梗 4 号。以绥梗 3 号为亲本成功选育出 30 个水稻新品种,以绥梗 4 号为亲本成功选育出 23 个水稻新品种,以绥梗系列其他品种为亲本成功选育出 7 个水稻新品种。绥梗系列水稻品种表现出高配合力,优质、高产、多抗的特性,是寒地水稻育种的重要种质资源。本文采用系谱图的方式将绥梗系列品种

及其衍生品种进行梳理,为寒地优质水稻育种提供借鉴。

1 绥梗系列水稻品种系谱

从血缘关系来看,绥梗系列水稻品种 100% 是日本品种的后代,是以日本品种或与日本品种杂交选育而成的主栽品种为亲本选育而成^[1]。主要日本血缘为松前、上育 418、上育 397、雪光、越光、富士光、藤系 137、藤系 453、藤系 138^[2]。主要亲本有垦稻 12、吉梗 6 号、龙稻 4 号、龙梗 10 号、垦稻 10 号、垦稻 5 号、垦稻 8 号、龙糯 2 号、五优稻 1 号和松梗 9 号等^[3]。绥梗系列水稻品种系谱图如下详见图 1。

2 绥梗 3 号衍生品种

绥梗 3 号,1999 年审定推广,生育日数 129 d,需活动积温 2 350 ℃。株高 79 cm,偏矮粒椭圆形,抗倒伏,抗稻瘟病,活秆成熟。糙米率 82.1%,

收稿日期:2018-12-17

基金项目:黑龙江省农业委员会“黑龙江省水稻现代农业产业技术协同创新体系”(黑农委体系(水稻)【2017】1 号);国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项北方粳稻优质高产高效新品种培育(2017YFD0100503);黑龙江省农业科学院 2017 年度院级科研项目(2017XQ02)。

第一作者简介:刘立超(1985-),女,硕士,助理研究员,从事水稻育种栽培研究。E-mail:liulichao0310@163.com。

Bioinformatics Analysis of Tobacco Ubiquitin Activating Enzyme E1

TIAN Xi¹, XUE Bo¹, XU Cheng-long², YANG Yan-ming³, WANG De-xun⁴, HU Yan-xia⁴, SU Jia-en⁴

(1. Yangbi County Branch of Dali Prefecture Tobacco Company, Yangbi 672500, China; 2. Xiangyun County Branch of Dali Prefecture Tobacco Company, Xiangyun 672100, China; 3. Eryuan Branch of Dali State Tobacco Company, Eryuan 671200, China; 4. Dali Branch of Yunnan Tobacco Company, Dali 671000, China)

Abstract: In order to study the tobacco ubiquitin-activating enzyme E1 from the perspective of biological information, the secondary structure, spatial structure and conserved motif of the tobacco ubiquitin-activating enzyme E1 sequence were analyzed using the Somma, Swiss model and Meme tools. The results showed that among the members of the tobacco ubiquitin-activating enzyme E1, the α -helix content of NtUAE2 was the largest and the spatial structure was stable. The main structure of the tobacco ubiquitin-activating enzyme E1 spatial structure had three branches, and the functional domains were located between them. NtUAE1 and NtUAE2 spatial structure template was 6dc6. 2. A; NtUAE3 template was 3cmm. 2. A; in the conserved motif of tobacco ubiquitin activating enzyme E1, Motif 3 and Motif 4 are catalytic cytokines of ubiquitin activating enzyme Amino acid domain.

Keywords: tobacco; ubiquitin-activating enzyme E1; bioinformatics