丹参过氧化氢酶(CAT)基因家族的鉴定及其分析研究

因家族的鉴定及其分析研究

摘 要

本文采用生物信息学方法对丹参过氧化氢酶基因家族进行了全基因组分析,鉴定出了 2 个 SmCAT 成员,分别命名为 SmCATI 和 SmCAT2,蛋白的氨基酸序列长度分别为 360 aa 和 543 aa,α螺旋、无规则卷曲和延伸链主要构成了丹参 CAT蛋白的二级结构,出现的比例较小的为β折叠,均属于亲水性非分泌蛋白,亚细胞定位显示在过氧化物酶体;基因结构分析表明 SmCAT2 比 SmCAT1 具有更为保守的内含子分布模式;在 SmCAT 启动子中存在丰富的光、植物激素及胁迫相关响应元件;基因表达量分析结果显示 SmCAT 在野生丹参中的表达量高于栽培丹参中的表达量。本研究为将来深入研究该基因家族的功能奠定了基础。

关键词: 丹参,过氧化氢酶,基因家族,生物信息学分析,表达模式

Abstract

In this paper, a bioinformatics method was used to perform a genome-wide analysis of the *Salvia miltiorrhiza* catalase gene family, and two *SmCAT* members were identified, named *SmCAT1* and *SmCAT2*, respectively. The amino acid sequence lengths of the proteins they encoded were 360 aa and 543 aa. Alpha helix, random coils and extended chains mainly constitutes the secondary structure of SmCATs. They were hydrophilic non-secreted protein and located in peroxisomes. Gene structure analysis showed that *SmCAT2* has a more conserved intron pattern than *SmCAT1*. There are abundant light, plant hormones and stress-related response elements in *SmCAT* promoter. Expression results indicated that the expression level *SmCAT* in wild *Salvia miltiorrhiza* was higher than that in cultivated ones. This study laid a foundation for further research on the function of the gene family in the future.

Keywords: Salvia miltiorrhiza, Catalase, Gene family, Bioinformatics analysis, Expression profile

目 录

引	言								1
1 材料与方法									
		·源							
1	.2 分析方	7法							4
	1.2.1		序		列		鉴		定
					• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •				4
	1.2.2	蛋	白	理	化	性	质	分	析
									4
	1.2.3 基	因结构与	进化树分	析					4
1.2.4 启动子顺式作用元件分析									5
	1.2.5 基	因表达分	析						5
2 \$	结果与分	分析							6
2	1 丹参 (CAT 基因家	医族的鉴定	Ĕ					6
2.2 丹参 CAT 蛋白理化性质分析和亚细胞定位预测									6
2.3 丹参 CAT 的保守基序分析									8
2.4 丹参 CAT 二级、三级结构预测								8	
2	5 丹参 (CAT 基因结	· 吉构分析						9
		生化树分析							
		·顺式作用							
		TAT 基因家							
参考文献17									
附	录								20

以上内容仅为本文档的试下载部分,为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文,请访问:

https://d.book118.com/678123127043006141