

毛果杨 Eukaryotic translation initiation factor 5A (*eIF5A*) 同源基因的生物信息学分析

邵龙婷, 郑唐春, 臧丽娜, 李爽, 曲冠证*

(东北林业大学林木遗传育种国家重点实验室, 哈尔滨 150040)

摘要: 为研究毛果杨 *eIF5A* 基因间的同源性及其进化关系, 以毛果杨的 *eIF5A* 基因为研究对象, 利用生物信息学软件及网站对其进行碱基分布、氨基酸组成、亲疏水性、保守区以及二级结构和三级结构的预测与分析, 并与其他物种的 *eIF5A* 氨基酸序列进行多重比对与进化分析。结果表明, 4 个毛果杨 *eIF5A* 基因定位于不同染色体上, 且都只含有 5 个外显子; 研究还发现不同成员间氨基酸数目、氨基酸序列间的疏水性存在一定的差异; 亚细胞定位分析表明, 4 个 *eIF5A* 蛋白均定位于细胞质上; 二级结构预测结果显示, 4 个 *eIF5A* 氨基酸序列以无规则卷曲、扩展链和 α -螺旋为主要组成部分, 且 4 条氨基酸序列三维结构十分相似。上述结果均为毛果杨 *eIF5A* 基因家族的进一步功能分析提供了一定基础。

关键词: 毛果杨; *eIF5A*; 生物信息学

中图分类号: Q75; S792.11

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X(2014)01-0141-09

Bioinformatics analysis of homologous gene of eukaryotic translation initiation factor 5A (*eIF5A*) in *Populus trichocarpa*

SHAO Longting, ZHENG Tangchun, ZANG Lina, LI Shuang, QU Guanzheng

(State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Northeast Forestry University, Harbin 150040)

Abstract: To study the homology and evolutionary relationship among *eIF5A* gene of *Populus trichocarpa*, bioinformatics softwares and websites were used to predict and analyze its base distribution, amino acid composition, hydrophilicity or hydrophobicity, secondary structure and tertiary structure. A polygenetic tree was constructed based on the corresponding *eIF5A* proteins from other species, and the conserved sequences in these proteins were analyzed. The results showed that four *eIF5A* genes were located on different chromosomes and all had five exons. The research still found that the amino acid number and sequence hydrophobic in *eIF5A* gene family presented some differences. Protein subcellular localization analysis showed that all members of *eIF5A* were located in the cytoplasm. Furthermore, the main composition of 4 amino acid sequences were random coil, extended strand and alpha helix via secondary structure prediction, and they were similar to each other in three-level structure. The results of this investigation could definitely provide some foundation for further function analysis of *eIF5A* gene family.

Key words: *Populus trichocarpa*; *eIF5A*; bioinformatics

真核生物的翻译起始因子 5A (Eukaryotic translation initiation factor 5A) (*eIF5A*, 原名 *eIF-4D*), 是一种高度保守的蛋白质。它在真核细胞内普遍存在, 是迄今为止发现的唯一一个含有 hypusine 残基的蛋白质, 这种独特的赖氨酸是翻译

后通过 N ϵ -(4-氨基)赖氨酸合成酶和 N ϵ -(4-氨基)赖氨酸水解酶的作用下形成的。每 1 成熟的 *eIF5A* 仅含 1 个 hypusine 残基, 且 *eIF5A* 的 hypusine 修饰是其发挥功能、细胞存活和增殖所必须的^[1-2]。*eIF5A* 的功能主要是以蛋白质合成起始功能为基础, 通过

收稿日期: 2013-05-15

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31370661) 和教育部新世纪优秀人才支持计划项目 (NCET-12-08) 共同资助。

作者简介: 邵龙婷, 硕士。E-mail: shaolongting123@163.com

* 通信作者: 曲冠证, 副教授。

促进一些特异 mRNA 的转移及相关特异基因的表达来促进细胞的增殖或者细胞的衰老、死亡, 或者产生环境胁迫的应答和抵抗能力^[3]。

在很多植物种的研究过程中发现, *eIF5A* 基因往往存在 2~4 个亚型不等, 而初步研究证明其每种亚型在生物体内的功能都有所不同。例如, Liu 等发现拟南芥 *eIF5A1* 对木质部形成有促进作用, 转基因拟南芥木质部比对照含量高 1 倍^[4]; 而拟南芥 *eIF5A2* 是引起细胞程序死亡的信号传导途径的一个关键因素, 拟南芥 *eIF5A2* 显示出能够调控由有毒力的 Pst DC3000 侵染所引起的细胞程序死亡^[5]。所以, 对每个物种体内的 *eIF5A* 基因所有异构体进行克隆和功能的进一步研究, 并通过促进或者抑制某些亚型的表达, 有可能获得产量提高或者对环境胁迫的抗性强化的品种, 实现 *eIF5A* 基因在生产实际中的有效应用。

从目前的研究来看, 大多数的真核生物的翻译起始因子 5A (*eIF5A*) 主要克隆自模式植物 (如拟南芥) 和其他甜土植物 (如水稻、玉米、小麦等), 而克隆自木本植物的 *eIF5A* 基因鲜有报道^[5]。杨树 (*Populus spp.*) 是世界上分布最广、适应性较强的树种, 同时也是非常重要的用材树种, 具有无性繁殖容易、生长速度快、生产周期短等优点, 发展杨树人工林是解决木材短缺的重要途径之一。毛果杨 (*Populus trichocarpa* Torr. & Gray) 是从美国引进的树种, 属杨属青杨派, 它的基因组序列已于 2006 年测出并公布, 因此被作为木本转基因植物中的模式植物, 是目前林木树种遗传转化研究中的典型代表种^[6]。目前对毛果杨 *eIF5A* 的生物信息学分析未见报道, 因此, 利用一系列的生物信息学软件分析了毛果杨 *eIF5A* 蛋白的性质, 以期为进一步开展毛果杨 *eIF5A* 的基因功能和蛋白质的特性研究提供一定的理论基础, 也为后期深入研究基因的结构与生物学功能提供参考。

1 材料与方法

1.1 毛果杨 *eIF5A* 基因家族成员搜索和定位

首先以拟南芥 *eIF5A* 的蛋白序列 (AAG53646、AAG60110、AAM61392) 的保守区为搜索条件, 在美国国立生物技术信息中心 (National center for biotechnology information, NCBI, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) 通过 blastp 检索毛果杨无冗余蛋白质数据库, 选择 $E \leq 10^{-10}$ 的序列为候选蛋白。其次在 NCBI 中利用 *eIF5A* 和 *Populus* 为关键词对基因和蛋白选项进行搜索, 剔除 CDS (蛋白质编码序列) 不

完整的基因, 根据蛋白质登录号, 寻找其对应的 cDNA 登录号和 DNA 序列, 并通过 Map Viewer 将其定位于染色体上^[7]。

1.2 毛果杨 *eIF5A* 基因结构分析

根据 1.1 搜索得到的毛果杨 *eIF5A* 基因 DNA 和 cDNA 序列, 利用 Gene Structure Display Server (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn/index.php>) 分析内含子和外显子组成^[8]。

1.3 毛果杨 *eIF5A* 蛋白的生物信息学分析

利用 ProtParam^[9] (<http://expasy.org/tools/prot-param.html>) 在线计算氨基酸理化性质, 各项指标包括: 氨基酸数目、分子量、理论等电点、分子式、脂溶指数和不稳度指数; 通过在线 ProScale (<http://expasy.org/tools/protscale.html>) 分析系统, 预测杨树 *eIF5A* 蛋白亲/疏水性; 利用 TMHMM Server.2.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>) 预测系统, 预测杨树 *eIF5A* 蛋白的跨膜区; 通过 SignalP (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>) 软件 4.1 版进行信号肽预测^[10]; 利用 PSORT (<http://psort.ims.u-tokyo.ac.jp/form.html>) 进行亚细胞定位分析; 利用 SOPMA 程序 (http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa.sopma.html) 分析杨树 *eIF5A* 二级结构, 通过 Swiss-Model (<http://swissmodel.expasy.org>) 建立 *eIF5A* 蛋白质空间结构模型。

1.4 毛果杨 *eIF5A* 蛋白氨基酸同源性及系统发生分析

使用 NCBI 的 Blastp 进行同源性分析, 在同源性比对的结果中筛选 $E \leq 10^{-10}$ 、序列覆盖率 $\geq 99\%$ 的序列, 利用 BioEdit (7.0.9) 软件进行下一步同源氨基酸序列比对。

根据 Phytozome (<http://www.phytozome.net/>) 网站公布全基因组测序信息, 在已经公布的 40 余种物种中, 筛选 *eIF5A* 同源蛋白, 利用 ClustalW2 软件 (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/clustalw2>) 进行氨基酸序列多重匹配分析, 参数为默认, 利用 MEGA4.0 中邻接 (Neighbor-Joining) 算法绘制系统发生树^[11]。

1.5 毛果杨 *eIF5A* 蛋白的表达丰度预测

利用 Poplar eFP Browser (<http://bar.utoronto.ca/efppop/cgi-bin/efpWeb.cgi>) 网站, 对毛果杨 *eIF5A* 蛋白在不同组织的表达丰度进行预测。

2 结果与分析

2.1 毛果杨 *eIF5A* 基因的鉴定及定位

根据拟南芥 *eIF5A* 的蛋白序列在 NCBI 中检索相匹配的序列, 共得到 16 条杨树候选 *eIF5A* 氨基

酸序列。因为 NCBI 是一个比较开放的数据库, 在不同时期或不同研究者的测序结果中常常会存在一定的差别, 我们通常选择同源性较高, CDS 编码序列较长的基因为研究对象。经过去除重复序列, 最终筛选出 4 条 *eIF5A* 同源蛋白 (ABK93726.1、ABK93569.1、ABK95708.1 和 ABK96021.1)。根据已发表文章中其他物种同源基因的命名, 将上述 4

条基因暂命名为 *PtreIF5A1*、*PtreIF5A2*、*PtreIF5A3* 和 *PtreIF5A4*。通过在 GenBank 中搜索相应的 cDNA 和 DNA 序列 (表 1), 并利用 Map Viewer 进行染色体定位, 结果表明 4 条 *eIF5A* 同源基因分布在 4 条 (第 6、8、10、18 条) 染色体上, 且分布的数量都只有 2 个 (图 1)。

表 1 毛果杨 *eIF5A* 同源基因 mRNA 序列分析

Table 1 The analysis of mRNA sequence of the *eIF5A* homologous gene in *Populus trichocarpa*

蛋白 ID Protein ID	基因 ID Gene ID	暂命名 Temporary name	CDS 序列长度/bp Sequence length of CDS	(G+C)含量/% Content	单链分子质量/D MS of single strand	编码氨基酸长度/aa Encoded amino acid length
ABK93726.1	EF145582.1	<i>PtreIF5A1</i>	480	46.25	145676.00	159
ABK93569.1	EF145409.1	<i>PtreIF5A2</i>	483	44.31	146190.00	160
ABK95708.1	EF147702.1	<i>PtreIF5A3</i>	480	47.50	145662.00	159
ABK96021.1	EF148030.1	<i>PtreIF5A4</i>	483	44.51	146126.00	160

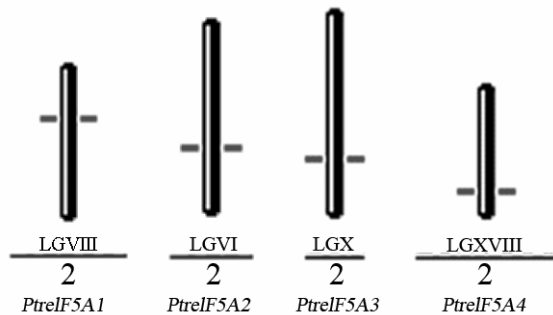


图 1 毛果杨 *eIF5A* 同源基因染色体定位

Figure 1 Chromosome distribution of the *eIF5A* homologous gene in *Populus trichocarpa*

2.2 毛果杨 *eIF5A* 基因外显子/内含子组成分析

在拟南芥中, 3 条 *eIF5A* 基因的内含子数量存在差异, 其中 *AteIF5A1* (AT1G13950) 和 *AteIF5A2* (AT1G26630) 都有 4 个内含子, 而 *AteIF5A3* (AT1G69410) 只有 3 个内含子。通过 GSDS 网站

对毛果杨 4 条 *eIF5A* 基因的 CDS 与基因组序列进行结构分析, 结果表明 *eIF5A* 基因内含子、外显子分布具有一定程度上的相似性, 均含有数目相同的内含子, 且都只有 4 个, 但外显子的长度和位置存在一定差异 (图 2)。

2.3 毛果杨 *eIF5A* 蛋白理化性质分析

通过 ProtParam 分析获得的 4 个毛果杨 *eIF5A* 蛋白的氨基酸数目发现: 它们的长度为 159~160 个氨基酸; 蛋白质相对分子质量分析结果表明, *PtreIF5A2* 的相对分子质量最大 (17.526 kDa), 而 *PtreIF5A3* 最小 (17.381 kDa); 等电点的分析发现: *PtreIF5A3* 预测的等电点最低 (5.47), 其他 3 个基因预测的一致, 都为 5.60; 脂溶指数分析表明, 4 个蛋白的脂溶指数均小于 100, 即它们为疏水性脂溶蛋白; 不稳定指数分析表明, 所有 4 个蛋白均为稳定蛋白 (不稳定指数标准为 40, 低于 40 为稳定蛋白) [10] (表 2)。

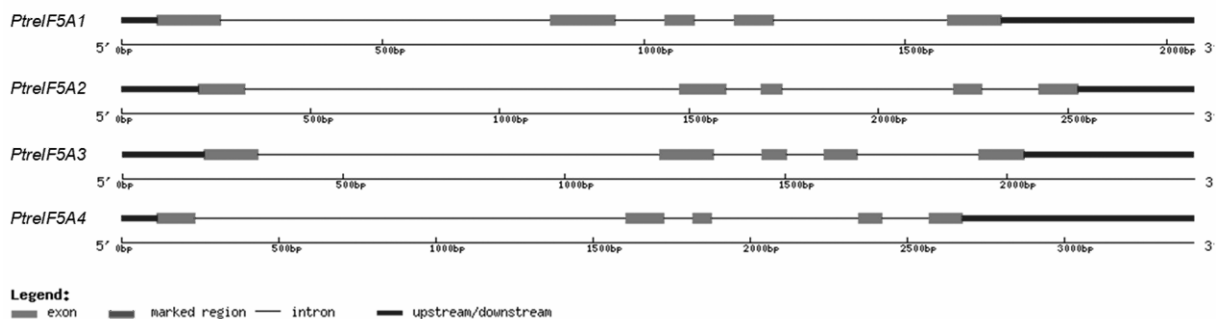
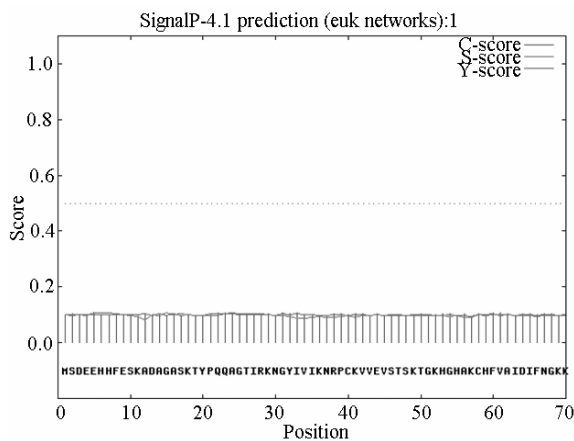


图 2 毛果杨 *eIF5A* 基因家族成员外显子/内含子组成分析

Figure 2 Structural analysis of exons and introns of *eIF5A* in *Populus trichocarpa*

表 2 毛果杨 *eIF5A* 同源基因编码氨基酸序列的理化性质
Table 2 Physicochemical character comparisons of the *eIF5A* homologous gene in *Populus trichocarpa*

项目 Item	PtreIF5A1	PtreIF5A2	PtreIF5A3	PtreIF5A4
相对分子质量 RMW	17416.60	17525.70	17380.50	17510.60
理论等电点 Theoretical IEP	5.60	5.60	5.47	5.60
正电荷残基数 Residue number of positive charge	19	19	19	19
负电荷残基数 Residue number of negative charge	25	25	25	25
总原子数 Total atom number	2431	2442	2424	2440
消光系数 Extinction coefficient	0.271	0.269	0.272	0.270
半衰期/h Half-life period	30	30	30	30
不稳定系数 Instability coefficient	25.92	25.94	32.45	26.82
脂溶指数 Liposoluble index	77.80	79.12	77.17	77.31
总平均亲水性 Hydrophilia	-0.504	-0.511	-0.495	-0.529



C 值: 原始剪切位点的分值; S 值: 信号肽的分值; Y 值: 综合剪切位点的分值

C score: Primitive cleavage site score; S score: Signal peptide score; Y score: Synthetic cleavage site score

图 3 毛果杨 PtreIF5A1 蛋白信号肽的预测

Figure 3 Signal peptide prediction of the PtreIF5A1 protein in *Populus trichocarpa*

2.4 毛果杨 *eIF5A* 蛋白的生物信息学分析

蛋白质的合成场所与功能场所通常是隔开的, 对于亚细胞结构和细胞器上的蛋白质而言, 在其合成后还需转运到特定部位并进行跨膜运输, 然后才能正常发挥作用。一般认为, 蛋白质定位的信息存在于蛋白质的自身结构中, 通过与膜上受体的相互作用得以识别。在跨膜蛋白的 N 端, 有一段疏水性的氨基酸序列, 这个氨基酸残基片段就称为信号肽, 新合成的蛋白质通过该信号肽而进入到正常的分选途径。

在 SignalP 4.1 Server 服务器上对 *eIF5A* 蛋白进行信号肽预测分析, 结果显示这 4 种 *eIF5A* 蛋白均不存在信号肽, 故而都属于非分泌型蛋白(图 3)(其他 3 种蛋白的分析结果与图 3 相似)。

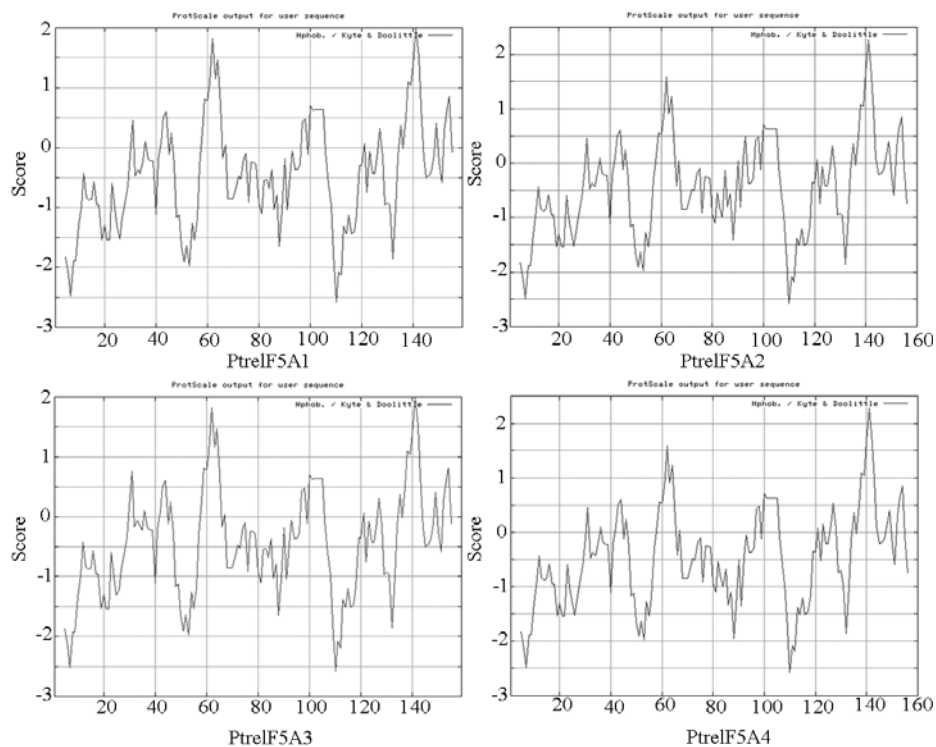
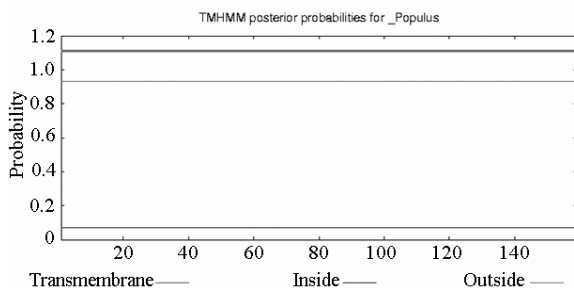
用 ProtScale 的 Kyte and Doolittle 算法对 4 种 *eIF5A* 氨基酸序列的疏水性/亲水性进行预测, 正值越大表示越疏水, 负值越大表示越亲水, 介于 +0.5~-0.5 之间的主要为两性氨基酸。结果显示(图 4), 这 4 个 *eIF5A* 蛋白的氨基酸序列中亲水性、疏水性氨基酸都均匀分布在整条肽链中, 亲水性氨基酸多于疏水性氨基酸, 并且没有明显的疏水区域, 因此可认为这些蛋白是亲水性蛋白。各自的峰值分别为 (Val) 1.989, (Asn) -2.578; (Val) 2.267, (Asn) -2.578; (Val) 1.989, (Asn) -2.578; (Val) 2.278, (Asn) -2.578。

用 PSORT 分析 4 种 *eIF5A* 蛋白的亚细胞定位。由表 3 可知, 4 种 *eIF5A* 蛋白定位于细胞质的可能性分别为 46.2%、53.8%、30.8%和 84.6%, 定位于微体(叶绿体类囊体膜或过氧化物酶体)的可能性分别为 38.5%、23.1%、38.5%和 7.7%, 从而推断该蛋白可能最终定位于细胞质内。

2.5 毛果杨 *eIF5A* 蛋白的二级和三级结构预测与分析

用 SOPMA 对毛果杨 *eIF5A* 蛋白的二级结构分析表明, 4 种 *eIF5A* 蛋白的二级结构均由 α -螺旋、 β -转角、无规则卷曲和扩展链结构 4 种形式组成, 且无规则卷曲是 4 种 *eIF5A* 蛋白最大量的结构元件, α -螺旋、 β -转角和延伸链则散布于整个蛋白质中(图 6)。在 PtreIF5A1 和 PtreIF5A2 中各组成的百分比为无规则卷曲>扩展链> α -螺旋> β -转角结构, 在 PtreIF5A3 和 PtreIF5A4 中为无规则卷曲> α -螺旋>扩展链> β -转角结构(表 4)。

通过 Swiss-Model 对毛果杨 4 条 *eIF5A* 氨基酸序列进行三维结构同源建模, 以 PDB 3hksB 作为同源目标模版, 建模结果表明它们具有十分相似的三维结构(图 7), 推测它们具有相似生物信息学功能。

图 4 毛果杨 *eIF5A* 同源基因氨基酸序列疏水性/亲水性预测Figure 4 Hydrophobicity/philicity prediction of the *eIF5A* in *Populus trichocarpa*图 5 毛果杨 *eIF5A1* 蛋白的跨膜区域预测Figure 5 Transmembrane analysis of the *eIF5A1* in *Populus trichocarpa*

2.6 不同物种间 *eIF5A* 蛋白同源性分析及系统发生分析

使用 NCBI 的 Blastp 进行同源基因的检索, 应用 Bioedit 软件对不同物种间 42 条 *eIF5A* 氨基酸序列进行同源性分析, 结果如图 8。表明不同物种间

eIF5A 蛋白序列高度一致, 仅有少数几个氨基酸序列差异。该基因高保守性可能和 *eIF5A* 是真核生物 80S 核糖体和翻译延伸因子 (*eEF2*) 组成部分有关。

根据 Phytozome (<http://www.phytozome.net/>) 网站公布全基因组测序信息, 经比对分析筛选出其他植物中已命名的 *eIF5A* 同源基因, 共 51 个, 这些基因主要存在于拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)、葡萄 (*Vitis vinifera*)、大豆 (*Glycine max*)、玉米 (*Zea mays*)、水稻 (*Oryza sativa*) 等中。这些基因与 *eIF5A* 基因同源性高达 90% 以上, 利用 MEGA 软件进行系统发育树构建。结果如图 9, 毛果杨中 4 个 *eIF5A* 同源基因与葡萄和碧桃中的 *eIF5A* 基因亲缘关系最近, *eIF5A* 基因从简单的单细胞藻类中的一条基因, 到单双子叶植物的分化过程中, 单条的 *eIF5A* 基因出现 2~3 条的同源基因, 符合物种进化规律。

表 3 毛果杨 *eIF5A* 同源基因编码蛋白的亚细胞定位Table 3 Subcellular location of the *eIF5A* homologous gene in *Populus trichocarpa*

基因名 Gene name	定位分数 Location score				
	叶绿体类囊体膜 Thylakoid membrane of chloroplast	细胞质/膜 Cytoplasm/membrane	细胞核 Nucleus	过氧化物酶体 Peroxisome	其他 Others
<i>PtreIF5A1</i>	4.0	6.0		1.0	2.0
<i>PtreIF5A2</i>	3.0	7.0	1.0		2.0
<i>PtreIF5A3</i>	5.0	4.0	3.0		2.0
<i>PtreIF5A4</i>	1.0	11.0			1.0

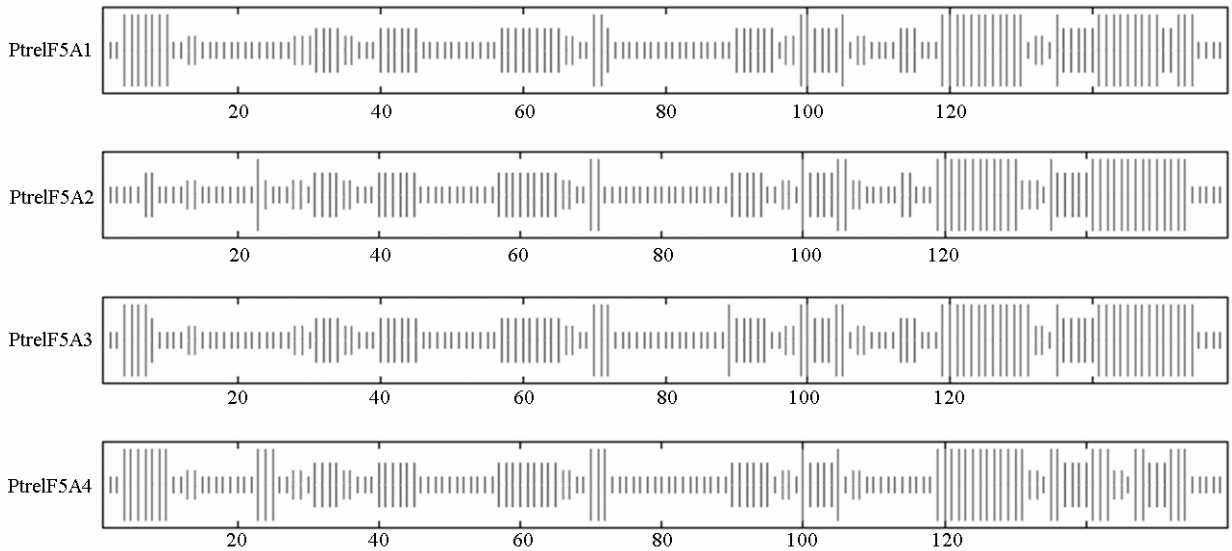


图 6 毛果杨 eIF5A 同源蛋白的二级结构预测

Figure 6 Prediction of secondary structure of of eIF5A protein in *Populus trichocarpa*

表 4 毛果杨 eIF5A 同源蛋白二级结构的分析

Table 4 The second structure prediction of eIF5A protein in *Populus trichocarpa*

折叠方式 Fold way	PtrelF5A1		PtrelF5A2		PtrelF5A3		PtrelF5A4	
	数目 number	比例/% Proportion	数目 number	比例/% Proportion	数目 number	比例/% Proportion	数目 number	比例/% Proportion
Alpha helix (Hh)	37	23.27	33	20.62	40	25.16	38	23.75
3 ₁₀ helix (Gg)	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Pi helix (Ii)	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Beta bridge (Bb)	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Extended strand (Ee)	40	25.16	37	23.12	36	22.64	36	22.50
Beta turn (Tt)	15	9.43	16	10.00	14	8.81	16	10.00
Bend region (Ss)	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00
Random coil (Cc)	67	42.14	74	46.25	69	43.40	70	43.75
Other states	0	0.00	0	0.00	0	0.00	0	0.00

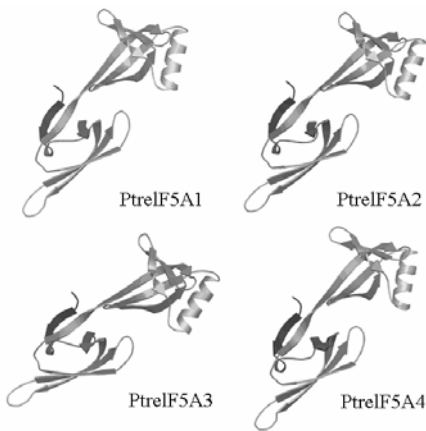


图 7 毛果杨 PtrelF5A 蛋白的三级结构预测

Figure 7 The tertiary structure prediction of eIF5A protein in *Populus trichocarpa*

2.7 毛果杨 eIF5A 蛋白的表达丰度预测

杨树基因表达丰度预测网站 (Poplar eFP Browser) 的数据均来自于坎贝尔实验室 (Campbell

Laboratory), 且该数据经 GCOS 算法 (TGT 值 ≥ 500 或样本 3 次重复) 修正。实验材料来源: 杨树种子采集于种子园内, 然后播种于温室中湿润的滤纸上, 在 12 h 光/暗下生长, 样品均取样于正午。

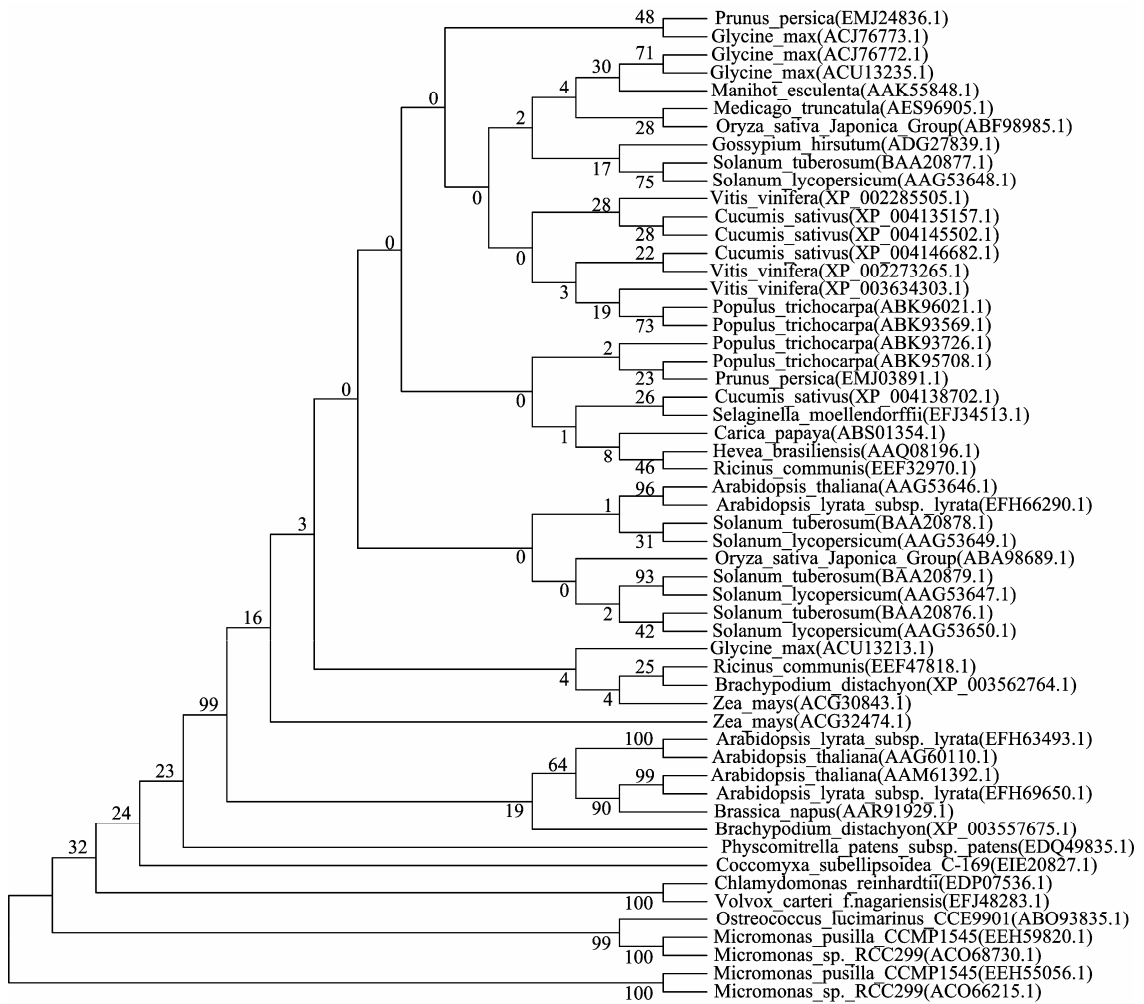
预测结果显示, eIF5A 基因杨树的生殖器官、根、茎、叶中均有表达, PtrelF5A3、PtrelF5A4 蛋白在雌雄花器官中表达丰度最高, 而 PtrelF5A1、PtrelF5A2 蛋白在茎中的表达相对较高 (表 5)。

3 小结与讨论

随着计算机在生物技术上的应用, 在基因功能研究的相关文献报道中, 为避免试验的盲目性和不必要的重复, 利用生物信息学进行实验前期预测或后续分析越来越普遍。如今生物信息学已成为整个生命科学发展的重要组成部分, 成为生命科学研究的



图 8 不同物种 eIF5A 同源基因氨基酸序列比对的结果
 Figure 8 Alignment result of eIF5A amino acid in *Populus trichocarpa*



Manihot esculenta (木薯); *Ricinus communis* (蓖麻); *Populus trichocarpa* (毛果杨); *Medicago truncatula* (苜蓿); *Glycine max* (大豆); *Cucumis sativus* (黄瓜); *Prunus persica* (碧桃); *Arabidopsis thaliana* (拟南芥); *Arabidopsis lyrata* (琴叶拟南芥); *Brassica napus* (欧洲油菜); *Carica papaya* (番木瓜); *Hevea brasiliensis* (橡胶树); *Gossypium hirsutum* (陆地棉); *Vitis vinifera* (葡萄); *Solanum tuberosum* (马铃薯); *Solanum lycopersicum* (番茄); *Zea mays* (玉米); *Oryza sativa* (水稻); *Brachypodium distachyon* (二穗短柄草); *Selaginella moellendorffii* (江南卷柏); *Physcomitrella patens* (小立碗藓); *Chlamydomonas reinhardtii* (莱茵衣藻); *Volvox carteri* (团藻); *Coccomyxa subellipsoidea* (胶球藻); *Micromonas pusilla* (微小胞藻); *Ostreococcus lucimarinus* (绿藻)

图 9 不同物种 *eIF5A* 同源基因的系统发生树

Figure 9 Phylogenetic tree of the *eIF5A* homologous genes

表 5 毛果杨 *eIF5A* 同源基因的组织特异性表达及丰度

Table 5 Expression analysis of *eIF5A* in *Populus trichocarpa*

基因 Gene name	探针编号 Code of probe	雄蕊 Stamen	雌蕊 Pistil	黄化幼苗 Yellowing seedling
<i>PtreIF5A1</i>	Ptp.2026.1.S1_s_at	0.97	0.68	-0.16
<i>PtreIF5A2</i>	Ptp.1583.2.S1_x_at	-0.22	-0.23	-0.02
<i>PtreIF5A3</i>	PtpAffx.249.247.A1_a_at	4.60	4.76	0.56
<i>PtreIF5A4</i>	PtpAffx.2128.1.A1_x_at	0.21	0.62	-0.65

黄化幼苗曝光 3 h Yellowing seedling exposed at light for 3 h	光照下的幼苗 Seedling under illumination	幼叶 Young leaf	成熟叶 Mature leaf	根 Root	茎 Stem
-0.06	-0.18	-0.37	-2.29	0.26	1.51
-0.21	0.15	0.01	-1.77	0.07	1.19
-0.13	-0.48	0.02	1.58	-0.22	-1.04
-0.22	0.02	-0.08	-1.90	-0.54	0.16

eIF5A 基因自发现起一直广受研究者的关注, 动物、植物及人体内的 *eIF5A* 已经大量被克隆出来。最受关注的热点研究方向主要集中在人体 *eIF5A* 在癌症细胞发育中的作用和植物 *eIF5A* 基因在植物生长发育中的重要作用的初步研究。在植物中, 已有文献表明 *eIF5A* 的表达存在间歇和短暂的差异, 抑制 *eIF5A* 的活性将会导致多重作用。例如水稻 *eIF5A1* 和 *eIF5A2* 在老叶中均高表达, 而在盐、重金属等环境条件胁迫条件下, *eIF5A1* 和 *eIF5A2* 又有不同的表达情况^[12]。同时 *eIF5A* 基因具有多种异构体, 诸如拟南芥有 3 种 (AAG53646、AAG60110、AAM61392)、小麦有 3 种 (DQ167202、DQ167201、DQ167203)、番茄有 4 种 (AF296083、AF296084、AF296085、AF296086)。各种异构体分别承担不同的生物学功能, 共同完成调控生物生长发育、衰老及环境适应等的生物学功能。Thompson 等在拟南芥中的研究表明: *eIF5A1* 只在衰老组织中表达, *eIF5A2* 在受机械损伤的组织中高水平表达, 而 *eIF5A3* 在细胞分裂很活跃的吸胀的种子中高水平表达^[13]。烟草中的两个的 *eIF5A* 基因 *NeIF5A1* 和 *NeIF5A2* 的表达存在差异。*NeIF5A1* 更倾向于在光合作用的组织中表达, 而 *NeIF5A2* 则是在所有检测的植物组织中组成型表达^[14]。小麦 *eIF5A* 基因在根中很低水平表达, 在成熟期的旗叶中表达量也较低, 而在幼叶、花粉、幼穗、幼胚等长势旺盛的部位 (组织) 中表达水平较高, 这说明小麦 *eIF5A* 基因参与调控植株生长发育, 而且具有组织表达差异性^[15]。

本研究首次从 NCBI 数据库中检索到 *eIF5A* 蛋白序列, 成功地利用生物信息学数据库和软件工具, 对杨树 *eIF5A* 蛋白家族基因结构和蛋白质结构等进行了分析, 至于其生物学功能, 还需要在杨树中进行克隆以及表达分析来验证。因此, 该研究将为下一步研究杨树 *eIF5A* 基因的生物学功能提供了参考依据。

参考文献:

- [1] Caraglia M, Marra M, Giuberti G, et al. The role of eukaryotic initiation factor 5A in the control of cell proliferation and apoptosis[J]. *Amino Acids*, 2001, 20(2): 91-104.
- [2] Gordon E D, Mora R, Meredith S C, et al. Eukaryotic initiation factor 4D, the hypusine containing protein, is conserved among eukaryotes[J]. *Biol Chem*, 1987, 262(34): 16585-16589.
- [3] 双宝, 韩英鹏, 李明, 等. 真核细胞翻译起始因子 5A(*eIF5A*)研究进展[J]. *东北农业大学学报*, 2010, 41(8): 156-160.
- [4] Liu Z D, Duguay J, Ma F S, et al. Modulation of *eIF5A1* expression alters xylem abundance in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2008, 59(4): 939-950.
- [5] Hopkins M T, Lampi Y, Wang T W, et al. Eukaryotic translation initiation factor 5A is involved in pathogen-induced cell death and development of disease symptoms in *Arabidopsis*[J]. *Plant Physiol*, 2008, 148(1): 479-489.
- [6] 张红梅, 夏新莉, 尹伟伦. 毛果杨的组织培养与快速繁殖[J]. *植物生理学通讯*, 2009, 45(1): 53.
- [7] 顾萍, 李健康. 利用 NCBI Map Viewer 在染色体图谱上查找基因[J]. *中华医学遗传学杂志*, 2005, 22(2): 235-236.
- [8] Guo A Y, Zhu Q H, Chen X, et al. GSDS: a gene structure display server[J]. *Yi Chuan*, 2007, 29(8): 1023-1026.
- [9] Gasteiger E, Hoogland C, Gattiker A, et al. The proteomics protocols handbook[M]. Totowa: Humana Press Inc, 2005: 571-607.
- [10] Emanuelsson O, Brunak S, Von Heijne G, et al. Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools[J]. *Nature Protocols*, 2007, 2(4): 953-971.
- [11] Tamura K, Dudley J, Nei M. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. *Mol Biol Evol*, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [12] Chou W C, Huang Y W, Tsay W S, et al. Expression of genes encoding the rice translation initiation factor, *eIF5A*, is involved in developmental and environmental responses [J]. *Physiologia Plantarum*, 2004, 121(1): 50-57.
- [13] Thompson J E, Hopkins M T, Taylor C, et al. Regulation of senescence by eukaryotic translation initiation factor 5A: implications for plant growth and development[J]. *Trends Plant Sci*, 2004, 9(4): 174-179.
- [14] Chamot D, Kuhlemeier C. Differential expression of genes encoding the hypusine-containing translation initiation factor, *eIF-5A*, in tobacco[J]. *Nucl Acids Res*, 1992, 20(4): 665-669.
- [15] 周建平, 杨足君, 冯娟, 等. 小麦蛋白翻译起始因子 5A 基因(*eIF5A*)的克隆与分析[J]. *遗传*, 2006, 28(5): 571-577.