

# 绵羊STMN2基因生物信息学分析

张小雪<sup>1</sup>, 李发弟<sup>1,2</sup>, 王维民<sup>1</sup>

(1. 甘肃农业大学动物科学技术学院, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省肉羊繁育生物技术工程实验室, 甘肃 民勤 733300)

**摘要:** 利用生物基因组学数据库, 对绵羊微管解聚蛋白2基因进行生物信息学分析, 从而预测 *STMN2* 基因编码产物的理化性质以及功能结构域, 并构建 *STMN2* 同源基因的系统进化树。结果表明, 绵羊 *STMN2* 基因含有 1 个 540 bp 的开放阅读框, 编码 179 个氨基酸; *STMN2* 蛋白分子质量约为 12.5 KD, 理论等电点为 11.57; *STMN2* 编码产物的二级结构主要以  $\alpha$  螺旋和无规则卷曲为主, 主要位于细胞质中, 作为一种生长因子参与机体的调控。

**关键词:** 绵羊; 微管解聚蛋白 2 基因; 生物信息学分析

**中图分类号:** S826 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2016)07-0058-04

[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2016.07.019](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2016.07.019)

## Bioinformatics Analysis of Sheep *STMN2* Gene

ZHANG Xiaoxue<sup>1</sup>, LI Fadi<sup>1,2</sup>, WANG Weimin<sup>1</sup>

(1. College of Animal Science and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Engineering Laboratory of Mutton Sheep Breeding and Reproduction Biotechnology in Gansu Province, Minqin Gansu 733300, China)

**Abstract:** This study aimed to study the bioinformation of sheep *STMN2* gene. The physicochemical characteristics, structures and functions of ovine *STMN2* are predicted and analyzed with software tools and database. Meanwhile, the phylogenetic tree of *STMN2* and related proteins is constructed, The result shows that the ORF of *STMN2* is 540 bp which encoded 179 amino acids. The sheep protein of *STMN2* is 12.5 KD in molecular weight, 11.57 in isoelectric point. The secondary structure of *STMN2* shows that it mainly constituted of  $\alpha$ -helix and coils, and important role in reproductive regulation as a growth factor in nucleus.

**Key words:** Sheep; Stathmin 2 gene; Bioinformatics analysis

微管解聚蛋白2 (Stathmin2, *STMN2*) 又称作 SCG10 (Superior cervical ganglion-10), 是磷酸化蛋白 stathmin 家族成员之一<sup>[1]</sup>, 在脑组织发育<sup>[2]</sup>、微管运动和信号转导中均有重要的作用, 对神经元生长和骨形成中也有调节作用。*STMN2* 蛋白有 3 个功能区域, 分别为 N-末端膜锚定域、C-末端螺旋结构和调节域。N-末端含有 35 个氨基酸, 是家族中其他成员所不具有的, 对其在高尔基体定位以及在生长锥的富集起着至关重要的作用<sup>[3]</sup>。螺旋结构域与  $\alpha\beta$  微管蛋白异源二聚体相互作用形成稳定的三聚体复合物 (T2S complex), 有抑制微管聚合的作用<sup>[3-4]</sup>。

目前, 猪、绵羊、山羊、牛、鸡、大鼠、小鼠、人等动物的 *STMN2* 基因序列均已公布, 但其

结构和功能的研究还有待进一步深入。本文以生物基因组数据库调取的绵羊 *STMN2* 的序列为基础, 利用生物信息学方法对 *STMN2* 基因及其编码产物的理化性质、序列特征、蛋白质结构以及生物学功能进行预测和分析, 以期为深入研究 *STMN2* 基因及其编码蛋白的基本结构和生物学功能提供理论基础。

### 1 材料与方法

#### 1.1 序列来源

数据资料来源于 NCBI 网站的 GenBank 数据库, 包括绵羊 (XM\_004011755.3)、山羊 (XM\_005689118.1)、牛 (NM\_001034622.1)、人 (NM\_001199214.1)、小鼠 (NM\_025285.2)、大鼠 (NM\_053440.2)、猪 (XM\_001928556.6) 和 鸡 (NM\_

收稿日期: 2016-03-11

基金项目: 甘肃农业大学盛彤笙科技创新基金(GSAU-ST5-1525)

作者简介: 张小雪(1984—), 女, 湖北武汉人, 助教, 主要从事动物遗传育种与繁殖工作。联系电话: (0931)7631225。E-mail: zhangxx@gsau.edu.cn。

通信作者: 王维民(1984—), 男, 湖北广水人, 讲师, 主要从事动物遗传育种与繁殖工作。联系电话: (0931)7631225。E-mail: wangwm@gsau.edu.cn。

205181.1)8个物种的 mRNA 序列。括号内为 GenBank 登录号。

1.2 方法

绵羊 STMN2 基因开放阅读框 (Open reading frame, ORF) 采用 NCBI 的 ORF Finder 程序分析, 参照 Kozak 法则 [5]; STMN2 基因编码产物的理化性质采用 Bioedit 及 DNASTar 分析软件预测; 亚细胞定位采用 PSORT II 预测 [6]; 功能域及功能分类采用 ProtFun 预测 [7-8]; 跨膜区域的预测采用 TMHMM 程序; 二级结构采用 Jpred 分析预测; 多序列比对及同源性分析采用 DNAMAN 软件分析。

2 结果与分析

2.1 绵羊 STMN2 基因开放阅读框分析

图 1 结果表明, 绵羊 STMN2 基因序列中有一条长 540 bp 的 ORF, 起始密码子位于 225 bp 处, 终止密码子位于 764 bp 处, 推测编码 179 个氨基酸残基。

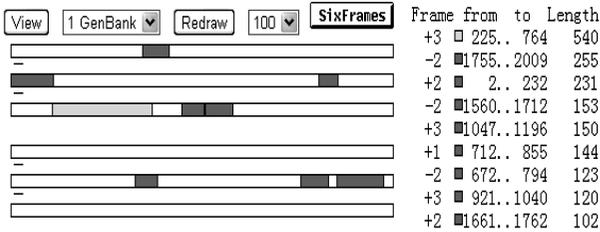


图 1 绵羊 STMN2 基因序列的 ORF 分析

2.2 绵羊 STMN2 编码产物的理化性质分析

蛋白质的基本性质包括其相对分子质量、氨基酸组成和等电点等。用 Bioedit 及 DNASTar 分析软件对绵羊 STMN2 基因编码产物的理化性质进行预测, 其氨基酸组成见图 2。STMN2 基因编码 179 个氨基酸, 组成最多的氨基酸是 Lys (赖氨酸), 所占比例为 19.82%。其理论分子量约为 12.5 KD, 理论等电点为 11.57。

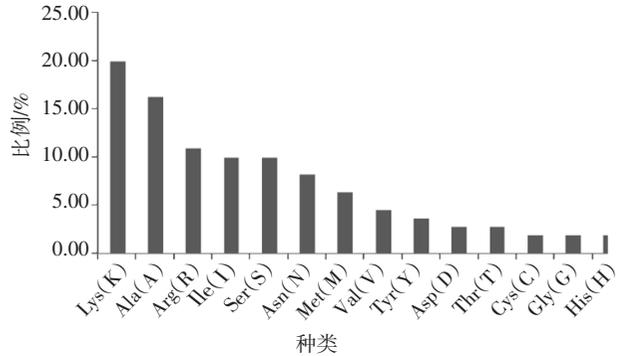


图 2 绵羊 STMN2 编码产物氨基酸组成

2.3 绵羊 STMN2 编码产物序列同源性分析

从图 3 可以看出, STMN2 在很多物种中都有表达, 绵羊与小鼠、山羊和牛的 STMN2 氨基酸序列完全相同, 且与人、大鼠、鸡、猪的同源性较高, 这说明 STMN2 在各个物种中的表达是相对保守的。STMN2 编码产物系统发育树证明, 绵羊和

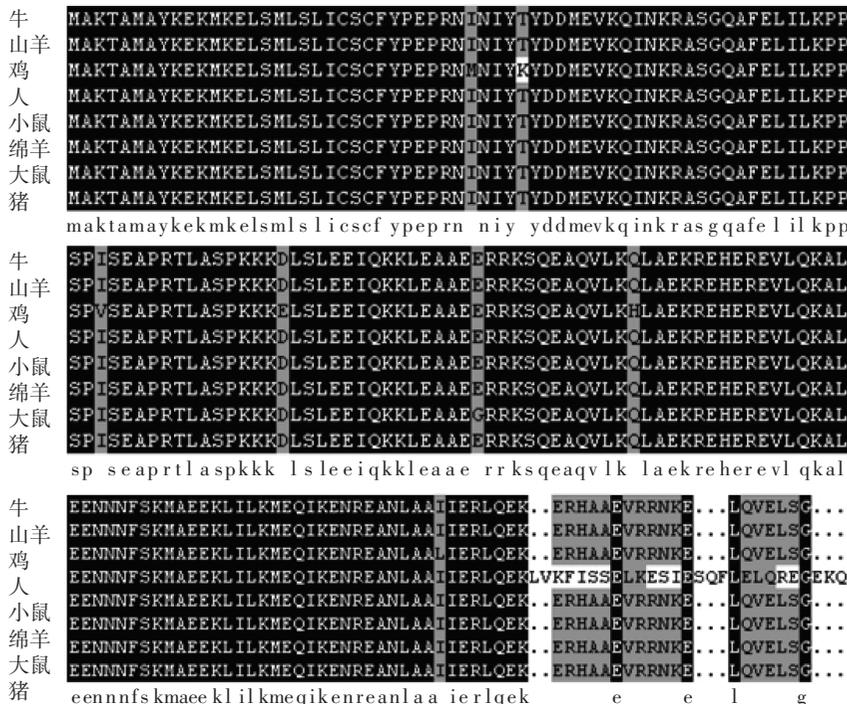


图 3 8 个物种的 STMN2 基因编码产物序列的同源性分析

牛、山羊、小鼠在系统发育树中的距离最近(图4)。

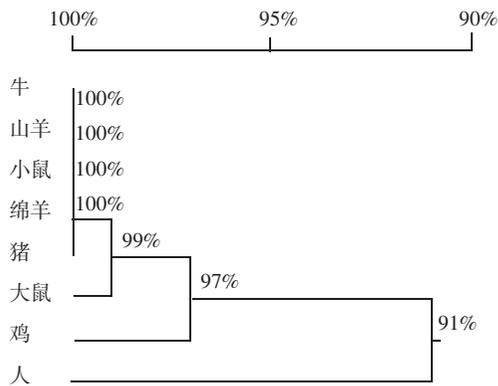


图 4 8 个物种的 STMN2 基因编码产物序列的系统发育树

2.4 绵羊 STMN2 编码产物亚细胞定位分析

通过工具 PSORT II 预测 STMN2 编码产物的亚细胞定位,从分析结果(表1)可知,其分布在细胞核的可能性为 47.8%,分布在细胞质的可能性为 26.1%,分布在细胞骨架的可能性为 13.0%,分布于线粒体的可能性为 13.0%。由此推断,绵羊 STMN2 编码产物主要在细胞核中发挥生物学作用。

表 1 STMN2 编码产物的亚细胞定位预测结果

亚细胞定位	可能性 /%
细胞核	47.8
细胞质	26.1
细胞骨架	13.0
线粒体	13.0

2.5 绵羊 STMN2 编码产物结构功能预测与分析

Protfun 是一款预测分析蛋白结构功能域及功能分类的分析软件。我们通过 Protfun 分析软件预测 STMN2 编码产物的功能,从表 2 的结果分析可知,该蛋白主要具有生长因子的功能,其可能性最高 (Odds=1.663)。由此推断 STMN2 可能作为一种生长因子参与机体的生物学调控。

表 2 STMN2 编码产物结构功能分析结果

GO 功能类别	几率
生长因子	1.633
转录	0.664
信号传感器	0.429
胁迫应答	0.355
免疫应答	0.282
激素	0.291
转录调控	0.263
运载体	0.228
阳离子通道	0.228
结构蛋白	0.213
电压门控通道	0.212
离子通道	0.178
金属离子通道	0.020
受体	0.015

2.6 绵羊 STMN2 编码产物跨膜区域的预测与分析

由图 5 可知,STMN2 编码产物无跨膜区,主要位于细胞核内。

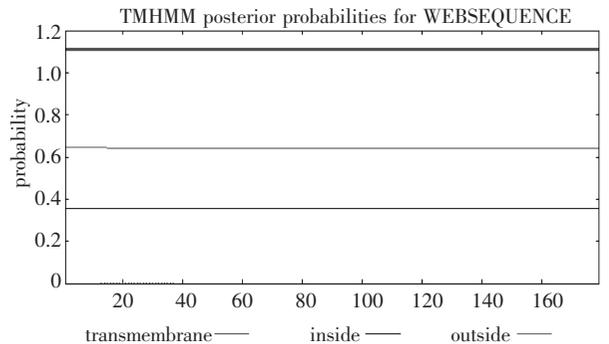


图 5 TMHMM 程序分析 STMN2 编码产物的跨膜区域结果

2.7 绵羊 STMN2 编码产物二级结构的预测

通过线预测工具 Jpred 对绵羊 STMN2 氨基酸序列进行二级结构预测,结果如图 6 所示。绵羊 STMN2 编码产物主要由 α 螺旋和无规则卷曲组成,从 N 端的第 4 个氨基酸才开始出现二级结构,前 3 个氨基酸没有形成二级结构,STMN2 蛋白二级结构由 4 个 α 螺旋和 1 个 β 折叠构成。

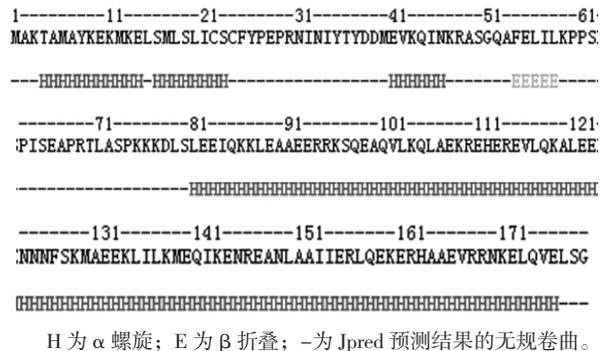


图 6 绵羊 STMN2 编码产物二级结构预测

3 结论

绵羊 STMN2 基因 ORF 长度为 540 bp,编码 179 个氨基酸残基,Lys(赖氨酸)所占比例最高,为 19.82%,其理论分子量约为 12.5 KD,理论等电点为 11.57。

STMN2 在很多物种中都有表达,其中绵羊与和牛、山羊和小鼠 STMN2 编码的氨基酸序列同源性一致,在系统发育树中的距离最近。

绵羊 STMN2 基因编码产物的二级结构主要以 α 螺旋和无规则卷曲为主,主要位于细胞核中,作为一种生长因子参与机体的生物学调控。

参考文献:

[1] RUBIN C I, ATWEH G F. The role of stathmin in the

# 根系局部施肥与肥水耦合技术研究综述

李翠红, 张永茂, 冯毓琴, 陈大鹏, 慕钰文, 魏丽娟

(甘肃省农业科学院农产品贮藏加工研究所, 甘肃 兰州 730070)

**摘要:** 肥水耦合研究一直是节水技术和合理施肥研究的一个重要方面。从根系分区施肥技术、肥水耦合对植物根系影响及其作用机理、局部施有机肥与肥水耦合结合对植物叶片光合特性的影响等方面综述了肥水耦合相关研究。

**关键词:** 根系局部施肥; 肥水耦合; 综述

**中图分类号:** S147.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2016)07-0061-06

**doi:** 10.3969/j.issn.1001-1463.2016.07.020

## Research Summary of Local Root Fertilization and Water-fertilizer Coupling Technology

LI Cuihong, ZHANG Yongmao, FENG Yuqin, CHEN Dapeng, MU Yuwen, WEI Lijuan

(Institute of Agricultural product Storage and Processing Research, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China)

**Abstract:** The research of water-fertilizer coupling is always an import part of water-saving technology and rational fertilization. This paper aim to describe the current situation of water-fertilizer coupling by the analysis of partition fertilization, the influences and mechanism of action that the water-fertilizer coupling, partition fertilization effected on the root of plant, and the photosynthetic characters of leaves effected by the partition organic-fertilization. Meanwhile, this paper looks forward to the future of apple trees partition organic-fertilization.

**Key words:** Local root fertilization; Water-fertilizer coupling; Summary

耦合多用在现代物理学上,指两个(或两个以上) 体系或运动形式之间通过各种相互作用彼此影响

收稿日期: 2016-03-24

基金项目: 甘肃省科技重大专项 (1203NKDA016); 国家级星火计划重大项目 (2013GA860001); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-28); 柱形苹果引种试验及特性研究示范(1309NKDE040-001)

作者简介: 李翠红(1981—), 女, 宁夏中卫人, 硕士, 研究实习员, 研究方向为果树栽培。联系电话: (0) 15609315559。

E-mail: slc\_258@163.com。

通信作者: 张永茂(1957—), 男, 甘肃庆阳人, 研究员, 主要从事果树栽培研究。E-mail: zhangym57@126.com。

regulation of the cell cycle[J]. J. Cell. Biochem., 2004, 93(2): 242-250.

[2] BIECHE I, MAUCUER A, LAURENDEAU I, *et al.* Expression of stathmin family genes in human tissues: non-neural-restricted expression for SCLIP[J]. Genomics, 2003, 81: 400-410.

[3] TOGANO T, KURACHIM, WATANABE M, *et al.* Role of Ser50 phosphorylation in SCG10 regulation of microtubule depolymerization [J]. J. Neurosci. Res., 2005, 80: 475-480.

[4] LI Y H, GHAVAMPUR S, BONDALLAZ P, *et al.* Rnd1 regulates axon extension by enhancing the microtubule destabilizing activity of SCG10 [J]. J. Biol. Chem., 2009, 284(1): 363-371.

[5] 莫萍, 施瑞华, 张红杰, 等. 膜联蛋白 A10 在人食管鳞癌及其癌旁组织中的表达及临床意义[J]. 南京医

科大学学报 (自然科学版), 2008, 28(5): 658-660.

[6] GONZALO D H, LAI K K, SHADRACH B, *et al.* Gene expression profiling of serrated polyps identifies annexin A10 as a marker of a sessile serrated adenoma/polyp [J]. J. Pathol., 2013, 230: 420-429.

[7] RAYNALP, POLLARD H B. Annexins: the problem of assessing the biological role for a gene family of multi-functional calcium-and phospholipid-binding proteins [J]. Biochim Biophys Acta, 1994, 1197: 63-93.

[8] GERKEV, MOSS S E. Annexins: from structure to function [J]. Physiol. Rev., 2002, 82: 331-371.

[9] 王维民, 李发弟, 潘香羽. 绵羊 LHB 基因生物信息学分析 [J]. 甘肃农业科技, 2013(10): 14-16.

[10] 张小雪, 潘香羽, 李发弟, 等. 绵羊 ESR 基因生物信息学分析 [J]. 甘肃农业科技, 2014(9): 30-33.

(本文责编: 郑立龙)