

## 菲律宾蛤仔LRR基因家族的鉴定与表达分析



-2.50

-2.00

-1.50

-0.50

王瑞瑶, 聂鸿涛\*
大连海洋大学

## 摘要 Abstract

富亮氨酸重复序列(leucine-rich repeats,LRR)是模式识别受体(PRRs)的一种,大部分富含LRRs的蛋白被发现参与了信号通路的转导,存在于各个物种且参与多个生物学过程,包括生物体的固有免疫反应。LRR结构域由LRR基序组成,每个LRR基序通常具有20~29个残基,其共同特征是都包括个保守的由11个氨基酸残基组成的片段(序列为LxxLxLxxN/CxL)负责同配体识别,发生蛋白质-蛋白质相互作用。已有研究发现LRR基因在水产动物先天免疫中发挥重要作用,研究深入对菲律宾蛤仔LRR基因家族进行分析,鉴定出菲律宾蛤仔LRR基因家族58个基因,热图结果显示溶藻弧菌胁迫48h后RpLRRC15、RpLRRC45表达显著上调(P<0.05),96h时RpLRRC71显著上调(P<0.05)。LRRs在菲律宾蛤仔受弧菌感染过程中可能发挥着潜在的调节作用。

## 结果 Results

菲律宾蛤仔的全基因组数据参考闫喜武等人的研究结果,NCBI生物项目号为PRJNA479743。使用隐马尔可夫模型(HMM)筛选候选LRR基因。从蛋白家族数据库(http://pfam.xfam.org/)中下载了LRR的HMM图谱,之搜索蛤仔基因组中的LRR蛋白序列。在去除冗余序列后,将LRR蛋白序列提交给CDD(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/bwrpsb/bwrpsb.cgi)、Pfam33.1和SMART9(http://smart.embl-heidelberg.de/)检查保守的LRR基因特定结构域。使用Compute pl/Mw工具(http://web.expasy.org/compute\_pi/,http://web.expasy.org/protparam/)计算推定等电点(PI)和分子量。

表1. 菲律宾蛤仔差异RpLRR基因家族成员详细信息。

基因名 Gene name	基因 ID Gene ID	染色 体号 Chr numb er	染色体长度 Chromosome length	染色体定位 Chromosomal location	基 因 方向 Gene stand	分子量(kDa) Molecular weight (kDa)	等 电 点 Theoretical PI
LRRC15	evm.mod el.xfSe00 01073.1	10	41560981	10863413-1088 4496	+	131.82	8.35
LRFN5	evm.mod el.Sc0000 018.24	4	56440294	18273111-1831 0054	+	70.59	5.01
LRIG3	evm.mod el.xfSc00 00179.3	10	41560981	17403407-1741 5810		83.33	4.85
LRRDI	evm.mod el.xfSe00 00033.43	0	-	_	-	62.14	4.54
LGR5	evm.mod el.xfSc00 00286.10	9	37028854	35020290-3502 7760	+	53.11	5.04
LRRKI	evm.mod el.xfSc00 00063.8	10	41560981	17418034-1748 0613	•	320.37	5.19
SHOC2	evm.mod el.xfSc00 00355.20	15	50027941	35425935 <b>-</b> 3545 5941	+	142.81	6.37

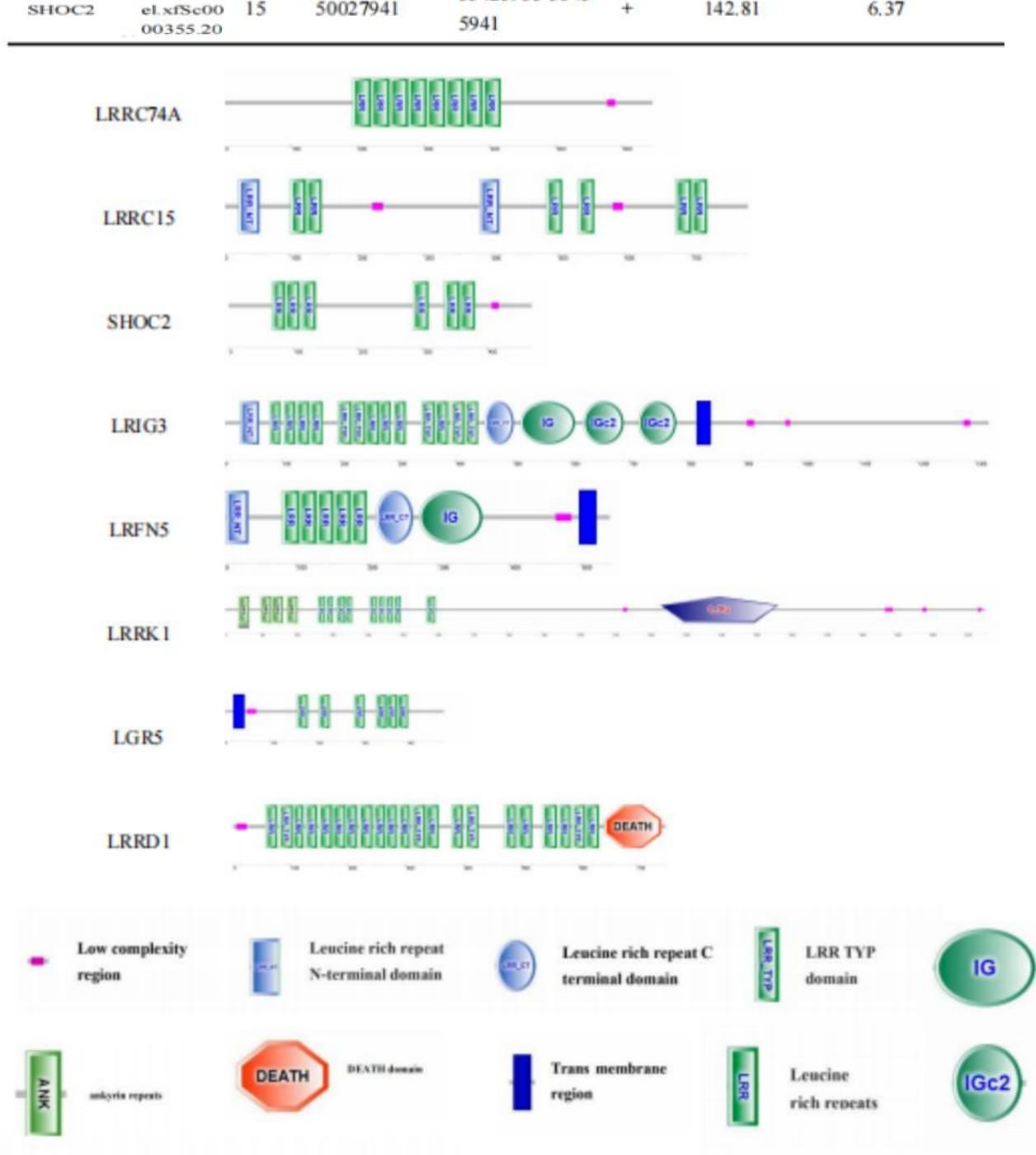


图1.RpLRR蛋白进化关系和蛋白结构域分析。

ne/Threonine protein kingses,catalytic domain

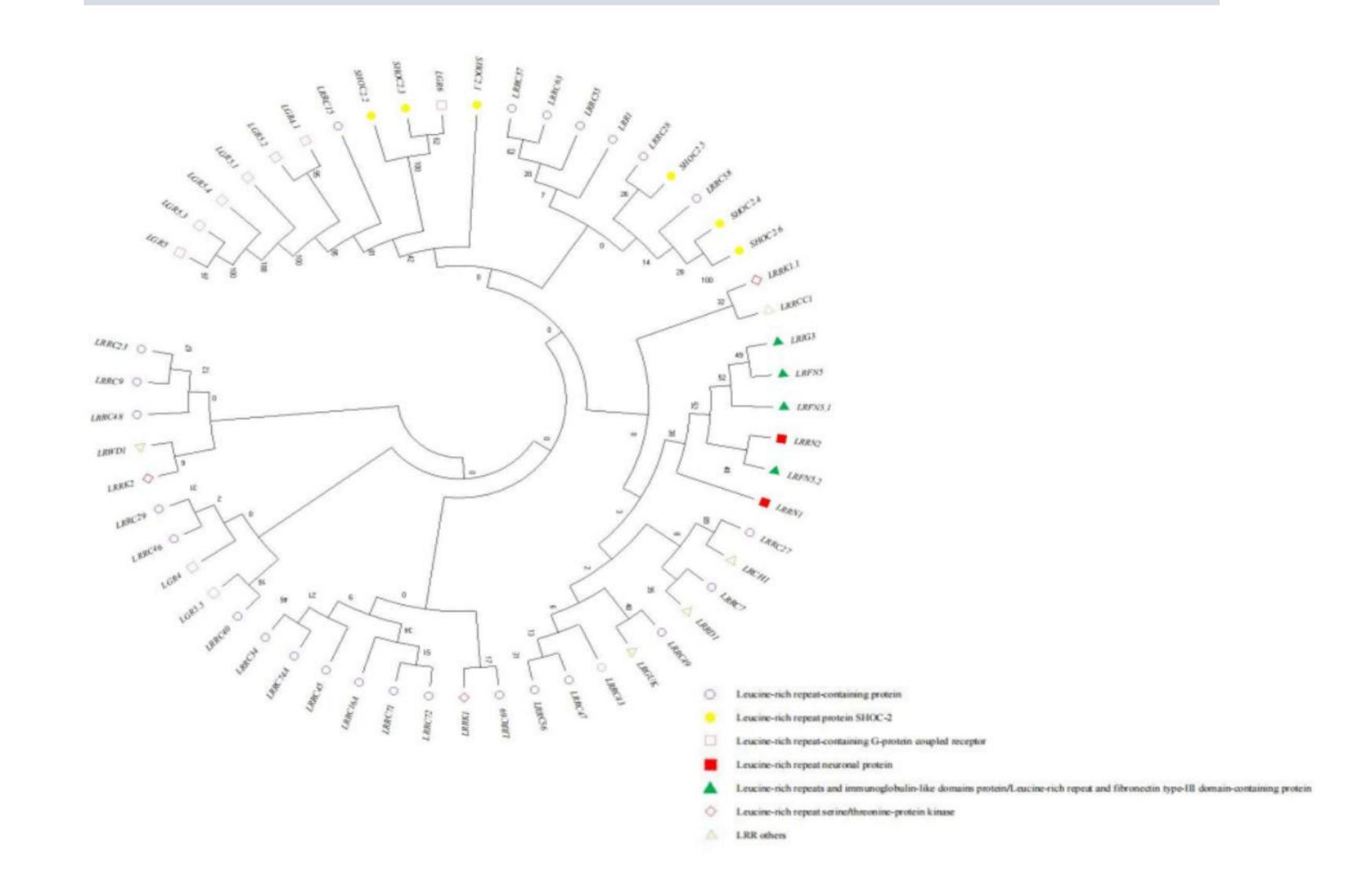


图2. 根据不同类型RpLRR基因的聚类结果,不同的图形代表不同类型。

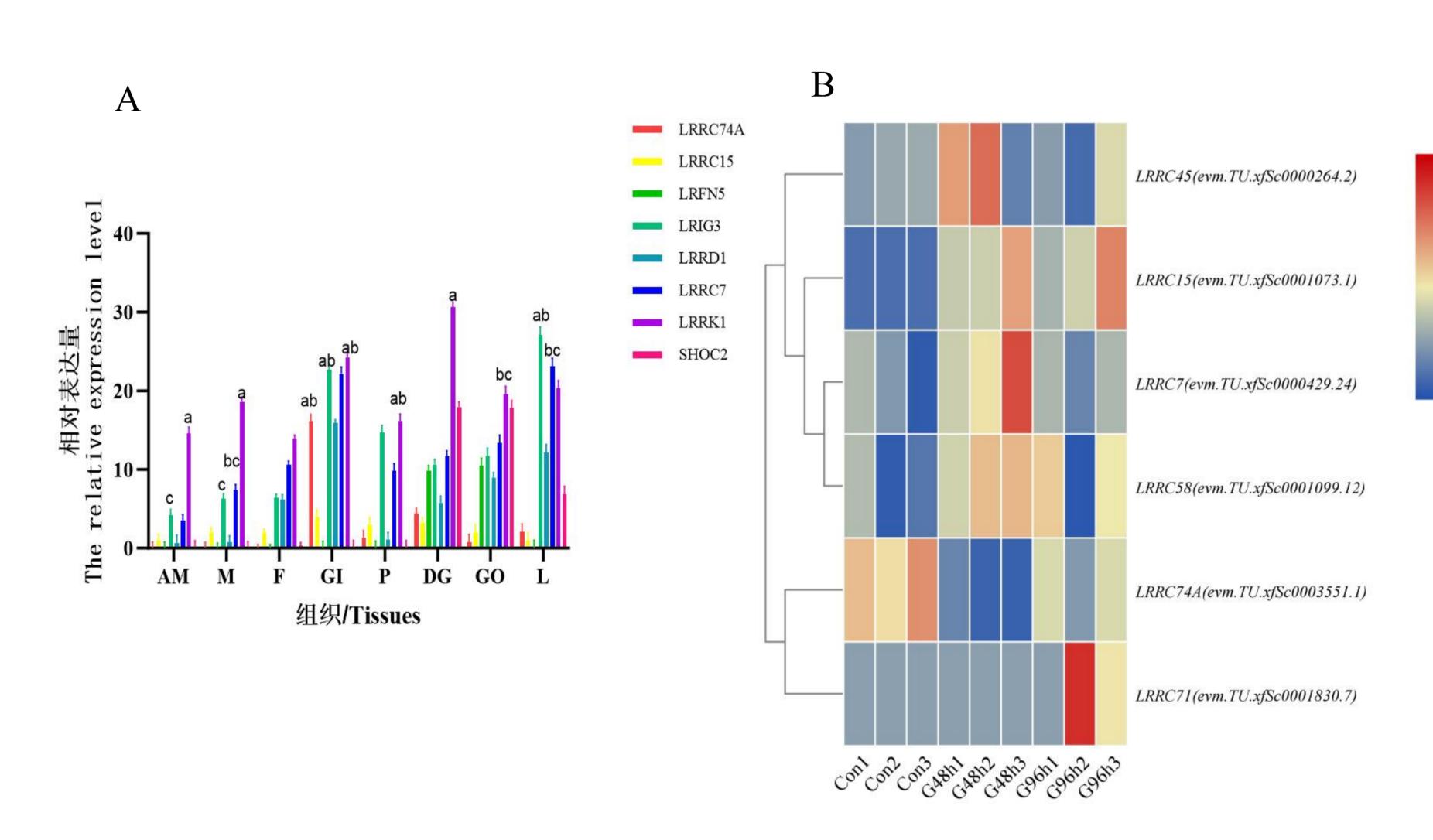


图3. (A) 不同组织部分RpLRR基因表达量; (B) 溶藻弧菌胁迫后部分RpLRR基因热图。

## 结论 Conclusion

本研究对菲律宾蛤仔基因组中的富含亮氨酸序列(LRR)家族进行了全基因组分析。基于基因结构和系统发育关系,研究将菲律宾蛤仔中的LRR分为不同类型,包括LRRC型、LRIG型、LRFN型、LRRD型、LRRK型、LGR型、SHOC型。结果表明,LRR基因可能在菲律宾蛤仔的免疫防御及抗溶藻弧菌(Vibrio alginolyticus)过程中,发挥着潜在的免疫作用。本研究为深入理解菲律宾蛤仔LRR基因的免疫功能提供了宝贵视角,同时也为该基因家族后续的功能鉴定研究提供了基础。