

番茄超氧化物歧化酶的生物信息学分析

郭 笑, 苑广信, 王曼力, 赵南晰, 李洪宇, 安丽萍

(北华大学 药学院, 吉林 吉林 132013)

摘 要:超氧化物歧化酶(SOD)是生物体内重要的抗氧化酶。以在 NCBI 数据库中注册的 7 种番茄 SOD 蛋白质为分析对象,利用生物信息学方法,分析了 SOD 蛋白质的理化性质、信号肽、糖基化位点、磷酸化修饰、一级和二级结构以及系统进化特点。结果表明:7 种蛋白质间的理化性质存在较大差异;氨基酸序列中不含信号肽,均不是分泌蛋白;不同类型的番茄 SOD 中所含糖基化以及潜在磷酸化位点数目不同;它们的氨基酸序列同源性较低,二级结构也存在较大差异;系统进化树可作为番茄 SOD 家族蛋白遗传分化研究的重要依据。该研究为深入开展 SOD 的酶学特征及植物抗氧化的分子机制研究提供重要的理论依据。

关键词:番茄;超氧化物歧化酶;生物信息学;抗氧化

中图分类号:S 641.203.6 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)21-0097-05

生物体长期暴露在有氧环境中均会受到如超氧化物、过氧化物及羟自由基等活性氧的损伤,导致细胞膜脂类过氧化、蛋白质变性、基因突变等^[1]。环境压力(如臭氧、土壤成分、干旱、寒冷等因素)对植物造成的损害也与氧自由基的产生和积累密切相关。为此植物体在长期进化过程中建立了一套完整的抗氧化体系(酶类和非酶类)^[2]。其中酶类主要包括超氧化物歧化酶、过氧化氢酶、谷胱甘肽过氧化物酶和谷胱甘肽硫转移酶等。它们协同作用保持活性氧在适度的水平,避免对细胞造成伤害。

第一作者简介:郭笑(1988-),女,博士,实验师,现主要从事基因工程产品制备等研究工作。E-mail:liguoxiao2697@126.com.

责任作者:安丽萍(1973-),女,博士,副教授,硕士生导师,现主要从事生物信息学分析与蛋白质纯化及结构等研究工作。E-mail:alp960@126.com.

基金项目:长白山药用动植物活性多肽研究与开发国家地方联合工程实验室资助项目(发改高技[2010]2455号);吉林省教育厅资助项目(吉教科合[2016]第75号)。

收稿日期:2016-07-25

超氧化物歧化酶(SOD)是生物体清除活性氧的重要酶类之一,被称为生物体抗氧化系统的第一道防线^[3]。该蛋白能促使超氧阴离子(O_2^-)发生歧化反应,即定名为超氧化物歧化酶,其广泛存在于各种微生物、动物和植物的根、茎、叶及果实等部位。SOD 还是一种含金属的抗氧化酶,根据其活性中心金属原子的不同被分为多种类型。植物中主要存在 3 种类型的 SOD: Cu-Zn SOD、Fe SOD 和 Mn SOD^[4]。其中 Cu-Zn SOD 主要位于细胞质和叶绿体中, Mn SOD 主要位于线粒体中, Fe SOD 主要位于叶绿体中^[5]。此外,除了细胞质、叶绿体及线粒体外, SOD 还在乙醛酸循环体和过氧化物酶体中^[6-7]。研究表明,植物的衰老与 SOD 联系密切。植物衰老期间 SOD 活性下降,活性氧增加,膜脂过氧化作用不断加强,当它积累到一定程度植物就会出现死亡^[8]。目前通过转 SOD 基因技术培育高抗逆作物已成为国内外 SOD 研究领域的热点之一。但是由于 SOD 种类繁多,选择合适的 SOD 类型进行研究与改造显得尤为重要。

番茄营养丰富、味道鲜美,是全世界最重要的果蔬之一,也是全世界栽培最为普遍的果菜之一。无论新鲜

Abstract: Taking leaves of wild *Astragalus membranaceus* as test materials, genetic diversity of germplasm resources of wild *A. membranaceus* in Changbai Mountain was studied by using SRAP molecular markers, in order to provide a foundation for preserving and breeding good varieties for *Astragalus membranaceus*. The results showed that 16 pairs of primers, which could produce more, characteristic and reproducible bands, were screened from 300 pairs of SRAP primers; these primers amplified 129 bands from which polymorphic bands were 95 bands. The cluster analysis disclosed that there were abundant genetic differences among the wild resources of *A. membranaceus* in Changbai Mountain, which was beneficial for cross-breeding of *A. membranaceus*.

Keywords: *Astragalus membranaceus*; SRAP; genetic diversity; germplasm

的还是加工后的番茄营养都很丰富,科学家们也对其进行了大量研究。2012年“番茄基因组联盟”研究团队完成了番茄的基因测序。由此为番茄功能基因组学的研究补充了信息。基于已完成的番茄基因组序列信息,现利用生物信息学技术对7种番茄SOD的理化性质、糖基化、磷酸化及结构等进行了分析,并建立了分子系统进化树,旨在为深入研究及应用番茄SOD功能提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

数据来源于 National Center for Biotechnology Information (NCBI) 数据库中已注册的番茄 SOD (NP_001307185)、Cu-Zn SOD (NP_001234769)、Cu-Zn SOD1 (NP_001234031)、Fe SOD (XP_004235206)、Fe SOD2 (NP_001233789)、Fe SOD3 (XP_004231531)、Mn SOD (XP_004240868) 核苷酸序列及对应的氨基酸序列。

1.2 试验方法

参照文献[9]和[10]的方法,利用 ExPASy 软件中的 ProtParam 工具对7种番茄SOD蛋白质的理化性质进行分析,预测氨基酸构成、分子量、等电点、稳定性及亲水性等 (<http://web.expasy.org/protparam>); 利用 SignalP 4.1 软件进行信号肽预测 (<http://www.cbs.dtu.dk/>);

services/SignalP/); 利用 NetNGlyc 和 NetOGlyc 软件对蛋白糖基化位点进行预测 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetNGlyc/>); 利用 NetPhos 软件预测潜在磷酸化位点 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetPhos/>); 利用 SOPMA 在线工具预测二级结构 (http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa_sopma.html); 利用 Clustal W 和 DNAMAN 软件进行蛋白质氨基酸序列比对,分析其同源性; 利用 MEGA 5.05 软件建立系统进化树。

2 结果与分析

2.1 蛋白质理化性质分析

通过在 NCBI 数据库查询可知,1.1 中提及的番茄 SOD 位于 9 号染色体,Cu-Zn SOD 位于 11 号染色体,Cu-Zn SOD1 位于 1 号染色体,Fe SOD 位于 3 号染色体,Fe SOD2 位于 6 号染色体,Fe SOD3 位于 2 号染色体,Mn SOD 位于 6 号染色体。经 ProtParam 分析上述 SOD 的氨基酸组成(表 1),结果表明,7 种番茄 SOD 成员其氨基酸数量介于 152~303,分子量介于 15 284.9~34 575.6 Da,等电点介于 5.38~7.75。其中,SOD 和 Mn SOD 为碱性蛋白质,其它均为酸性蛋白质。由不稳定指数分析可知番茄 SOD 蛋白质稳定性较差。

表 1

番茄 SOD 的理化性质

Table 1

Physical and chemical properties of *Solanum lycopersicum* SOD

蛋白质名称 Protein name	氨基酸数量 Number of amino acid	分子量 Molecular weight /Da	等电点 Isoelectric point (PI)	正电荷残基数 Residue number of the positive charge	负电荷残基数 Residue number of the negative charge	不稳定指数 Instability index	亲水性值 Hydrophilic value
SOD	191	20 309.4	7.75	15	14	29.33	0.180
Cu-Zn SOD	217	22 281.9	6.01	12	17	23.74	-0.018
Cu-Zn SOD1	152	15 284.9	5.47	9	16	31.97	-0.199
Fe SOD	303	34 575.6	5.38	33	44	41.41	-0.627
Fe SOD2	249	27 910.5	6.60	25	26	27.55	-0.399
Fe SOD3	252	29 126.2	6.65	26	27	40.39	-0.348
Mn SOD	228	25 314.7	7.13	22	22	36.65	-0.318

2.2 信号肽分析

信号肽是引导新合成的蛋白质向分泌通路转移的短肽,它负责把蛋白质引导到细胞含不同膜结构的亚细胞器内。以番茄 SOD (NP_001307185) 举例说明,通过 SignalP4.1 在线工具进行 SOD 信号肽的分析。由图 1 可知,C 值最大切割位点在第 21 个氨基酸位置,分值为 0.199,综合剪切分值(Y)最高也在第 21 个氨基酸位置,为 0.187,信号肽最大分值(S 值)在第 16 个氨基酸位置,分值为 0.226。从第 1~20 个氨基酸,平均 S 值为 0.172,平均 D 值为 0.179。由此推断该蛋白质没有信号肽,不是分泌蛋白。通过该软件对其它类型的 SOD 进行分析得到相近的结果,这 7 种番茄 SOD 均不是分泌蛋白。

2.3 糖基化位点预测

蛋白质的糖基化是指在糖基转移酶的作用下将糖

转移至蛋白质,和氨基酸残基形成糖苷键的过程。该研究对番茄 SOD 中糖基化位点进行预测,其中 Cu-Zn SOD 在第 30 位氨基酸存在 1 个潜在的 N-糖基化位点 (NSSF); Cu-Zn SOD1 共存在 3 个潜在的 N-糖基化位点,分别第 9 位 (NSSE)、第 33 位 (NISG00)、第 85 位 (NITV); Fe SOD 在第 188 位存在 1 个潜在的 N-糖基化位点 (NASN); Fe SOD2 在第 21 位存在 1 个潜在的 N-糖基化位点 (NGSS); Mn SOD 在第 99 位存在 1 个潜在的 N-糖基化位点 (NHSD)。Cu-Zn SOD 存在 12 个 O-糖基化位点,Cu-Zn SOD1 存在 1 个 O-糖基化位点,Fe SOD 存在 3 个 O-糖基化位点,Fe SOD2 存在 3 个 O-糖基化位点,Mn SOD 存在 1 个 O-糖基化位点,其它 SOD 不存在潜在的 O-糖基化位点。

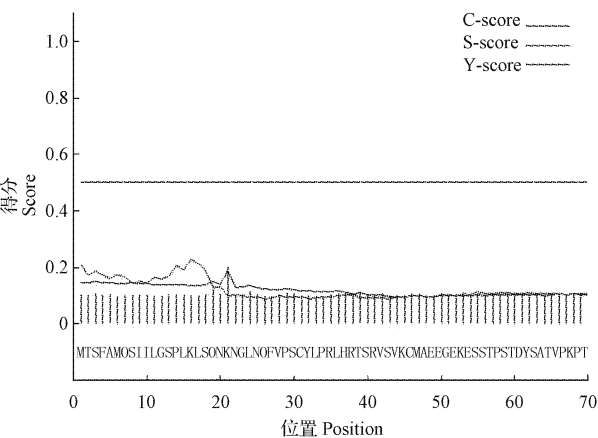


图1 番茄 SOD 的信号肽分析结果
Fig.1 Signal peptide analysis result of
Solanum lycopersicum SOD

2.4 磷酸化位点预测

蛋白质磷酸化是指由蛋白质激酶催化的把 ATP 或 GTP 位的磷酸转移至底物蛋白质氨基酸残基上的过程,是调节和控制蛋白质活力和功能的最基本、最普遍以及最重要的机制。该研究通过 NetPhos 软件分别分析丝

氨酸 (serine, Ser)、苏氨酸 (threonine, Thr)、酪氨酸 (tyrosine, Tyr) 3 种不同的磷酸化位点。以番茄 SOD (NP_001307185) 为例(图 2),该蛋白存在 8 个 Ser 磷酸化位点,分别为 Ser40、Ser43、Ser55、Ser56、Ser59、Ser77、Ser152、Ser154, 3 个 Thr 磷酸化位点,分别为 Thr39、Thr70、Thr159 和 2 个 Tyr 磷酸化位点,Tyr62 和 Tyr182。对其它 6 个番茄 SOD 预测结果见表 2。7 个氨基酸序列中 Fe SOD 潜在的磷酸化位点总数最多为 15 个,Cu-Zn SOD1 最少为 3 个。这些潜在磷酸化位点的分析,有助于其今后作用机制的深入研究。

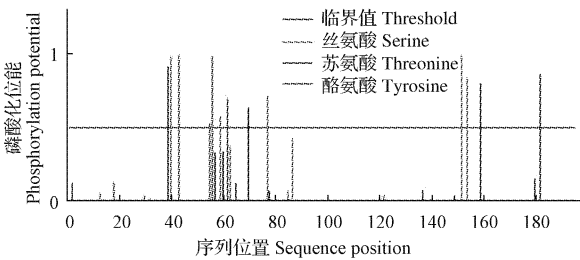


图2 番茄 SOD 磷酸化位点预测
Fig.2 Phosphorylation site prediction of
Solanum lycopersicum SOD

表 2 番茄磷酸化位点预测

Table 2 Prediction of <i>Solanum lycopersicum</i> SOD phosphorylation site				
蛋白质名称 Protein name	丝氨酸 Serine	苏氨酸 Threonine	酪氨酸 Tyrosine	总数 Total number
SOD	8	3	2	13
Cu-Zn SOD	7	4	1	12
Cu-Zn SOD1	2	1	0	3
Fe SOD	5	4	6	15
Fe SOD2	4	1	3	8
Fe SOD3	7	2	3	12
Mn SOD	3	2	4	9

2.5 氨基酸序列比较

蛋白质的一级结构通常指蛋白质中氨基酸的组成及数目,在一级结构的基础上,蛋白质再进一步折叠成特定的空间结构。因此,一级结构是理解蛋白质结构、功能及作用机制的必要基础。利用 Clustal W 和 DNAMAN 软件对 7 种番茄 SOD 的一级结构进行比对,结果如图 3 所示,其一级结构的同源性约 20%,7 种番茄 SOD 在氨基酸序列和氨基酸组成上存在较大差异。这可能归因于与番茄长期在自然界中对抗氧化损伤自身进化的结果。

2.6 蛋白质二级结构预测

蛋白质的二级结构主要指它的多肽链中有规则重复的构象,限于主链原子的局部空间排列。该研究利用 SOPMA 工具对 hGPx 家族蛋白质二级结构进行预测,明确番茄 SOD 家族成员主链原子的排列布局。由表 3 可知,这 7 种番茄 SOD 多肽链的二级结构主要有 α -螺旋、 β -转角、延伸链和无规则卷曲 4 种类型,其中以 α -螺旋、延伸链和无规则卷曲为主。

表 3 番茄 SOD 二级结构预测

Table 3 Prediction of <i>Solanum lycopersicum</i> SOD secondary structure				
蛋白质名称 Protein name	α -螺旋 α -helix	β -转角 β -turn	延伸链 Extended chain	无规则卷曲 Random coil
SOD	31.94	11.52	19.37	37.17
Cu-Zn SOD	12.90	11.06	36.87	39.17
Cu-Zn SOD1	8.55	11.84	33.55	46.05
Fe SOD	43.23	6.93	18.81	31.02
Fe SOD2	35.34	9.24	19.28	36.14
Fe SOD3	39.29	9.92	21.03	29.76
Mn SOD	36.40	12.28	19.30	32.02

2.7 番茄 Cu-Zn SOD 的高级结构

蛋白质一级结构决定空间构象,只有其高级结构才能反映其生物学功能。目前番茄 Cu-Zn SOD 的晶体结构已被解析(图 4)。与上述利用 SOPMA 工具对二级结构预测结果相一致,Cu-Zn SOD 的高级结构中多为延伸链和无规则卷曲。研究表明,Cu 和 Zn 原子分

SOD	MTSFAMQSIILGSPKLSQKNGLNQFVSPCYLRLHRTSRVSVKCAEEGEKESSTPSTDYSATVPKPTPAKPKPSTNF	80
Cu-ZnSOD	MAHSIFTTTTSTNSFLYPSSSSSSPNINSSFHGVS LNVS KFGQSLTYAVTTPKPLTVFAATKKAVAVLKGNVNVE	80
Cu-ZnSOD1	MYKAVAVLNSSEGVSGTILITQDGDAPTTVNGISGLKPLGHGFHVALGDTTNGCMSTGPHYNPAGKEHGAPEDVRH	80
FeSOD	MAATASATLTPSPGTHESCRSLNWRTHKKQIASKAGTVKVTAKFENPPYPMNALEPHMSRTTFEYHWGKHHR	80
FeSOD2	MAATASANSITSAFLPPQGNSSKSLQWRTQKKQFGRKAGSATITAKFDIPPPYMDALEPHMSRTTFEYHWGKHHR	80
FeSOD3	MSWCCCNRLSTSTSSDLWRQFNIPNVGLRQKKRSVSAYYGLKTPPYKLDAEPYMSQRMVEIHWGEHHRGVESLNKQIE	80
MnSOD	MLRTLVSRRLAAGLGFRQQLRGVQTFSPLDLPYDGALEPAISGDIMQHQQKHQTYITNYNKALEQLHDAISKGD	80
SOD	IDIFSFGSPAPERINGRAMIGFYAAIGMELANGADLSAQLSNGGLWFLGSSALITLASLIPTFQGVTVESKSDGIMTA	160
Cu-ZnSOD	VVTLSDDDGPTVNVVITGLAPGLHGFHLHEYGDITNGCMSTGAHNPKNLTHGAPGDEIRHAGDGNIVANADGVAEV	160
Cu-ZnSOD1	GDLGNITVGEDGTASFTITDQKIPLTGPQSIIGRAVVVHADPDDLKGGGHELSKSTGNAGGRIACGLGLG.....	152
FeSOD	YVGNLNKQIVGTELDITLLEDTILVTYNGNLLPFFNNAQAQWNHQFWESEMKPGGGGQPSGELLKLNRFSGFPAFVK	160
FeSOD2	YVGNLNKQIDGTELDITLLEDTILVTYNGNLLPFFNNAQAQWNHQFWESEMKPGGGGQPSGELLKLNRFSGFPAFVK	160
FeSOD3	NNIFYGCTMEQLIKLTYNNGNPLPEFSDAQAQVWNHDFWESMQPGGGDMPKLGFHQLIDHDFGSFTNFKDKFIEALTL	160
MnSOD	PAVALHSALKFNGGCHINHSIFWNNLAPVSEGGCEPPKSLGWAIDTNFGSLEALVKKMNAEGAAQGSWVWLVDKE	160
SOD	DAEIWNGRFAMLLVAIFTEYVKGAGLFQV.....	191
Cu-ZnSOD	TLVDNQIPLTPNSVYVGRALVVHELEDLKGKGHELSLTTGNAGRLACGVVGLTPI.....	217
Cu-ZnSOD1	EFKAAAAQFGSGAWLYKANRLDVGNASNPSPDEDKLVIVKTPNAINPLVWDYSPLLTIDVWEHAYYLDFRNRRPD	152
FeSOD	EFKAAAAQFGSGAWLYKPEDKKLALVKTPNAENPLVLGYTPLLTDVWEHAYYLDQNRNRPDYISIFMEKLVSWEAV	240
FeSOD2	FGSGWIWLVLSREKRLIITKTSNAVNPLVNDIPLIGLDLWEHAYYLDYKNDKAKYVNVEMNLHVSWDAAALGRMARQA	240
FeSOD3	FGSGWIWLVLSREKRLIITKTSNAVNPLVNDIPLIGLDLWEHAYYLDYKNDKAKYVNVEMNLHVSWDAAALGRMARQA	240
MnSOD	LKRLVVEETANQDPLVSKGANLVPLIGIDVWEHAYYLYQKNVRPDYLNKNIWKVINWKYANDVYENECP.....	228
SOD	191
Cu-ZnSOD	217
Cu-ZnSOD1	152
FeSOD	YISIFMEKLVSWEAVSSRLAAQAQAAREKEEERKKREEEEEYQDGNVREMYVETTDSEA	302
FeSOD2	SIRLKAASA.....	249
FeSOD3	FVMLGEPKIPVA.....	252
MnSOD	228

图 3 7 种番茄 SOD 成员氨基酸序列比对

Fig. 3 Comparison of the sequence of *Solanum lycopersicum* SOD

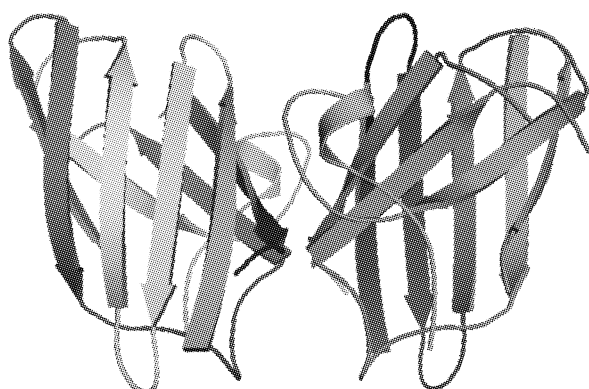


图 4 番茄 Cu-Zn SOD 的 3D 结构

Fig. 4 3D structure of *Solanum lycopersicum* SOD

别存在于 Cu-Zn SOD 的 2 个亚基中,其活性部位类似于咪唑桥联的 Cu(II)Zn(II)配合物。随着研究的深入,将有更多蛋白质结构被解析,将有利于对蛋白质开发及应用。

2.8 系统进化树分析

系统进化树是用来分析被认为有共同祖先的各物种间演化关系的树。树中每个节点代表各分支的最近共同祖先,而节点间线段长度对应演化距离远近。根据蛋白质全长序列,利用 Clustal W 软件对番茄 SOD 家族的氨基酸序列进行比对后,利用 MEGA 5.05 软件建立系统进化树(图 5)。由系统进化树分析可知,Fe SOD、Fe SOD1、Fe SOD2 和 Mn SOD 间的亲缘关系较近,而 Cu-Zn SOD、Cu-Zn SOD1 和 SOD 亲缘关系较近。

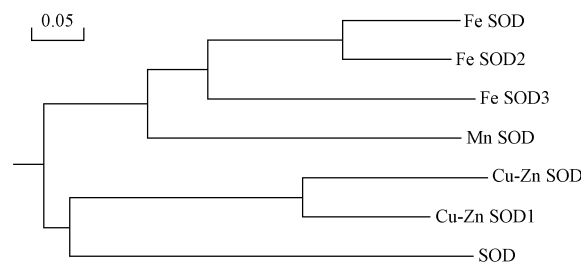


图 5 番茄 SOD 的系统进化树

Fig. 5 Evolutionary tree of *Solanum lycopersicum* SOD

3 结论与讨论

随着基因组计划的全面实施,有关基因测序、氨基酸测序及蛋白质结构解析等数据飞速增长,对于生物信息的分析和挖掘已成为研究热点。利用生物信息学可以进行多序列比对,找出序列间差异,进而分析蛋白质性质的异同;通过氨基酸序列可以预测蛋白质结构和功能;依据不同物种的氨基酸序列的异同,可以分析物种的起源进化及功能演变,进而寻找其亲缘关系^[11]。总之,生物信息学已成为农业、林业、生物及医药等领域不可或缺的一部分。

该研究首次运用生物信息学方法对 7 种番茄 SOD 进行全面分析,全面了解其基因信息有助于对其进行深入研究、改造及应用。由于 7 种番茄 SOD 的氨基酸组成及数目存在较大差异,使得它们的理化性质也存在很大差别。今后在对其进行提取或重组研究时,应注意它们的酸碱性质、稳定性及亲水性等;除番茄 Cu-Zn SOD1

外,其它类型 SOD 存在较多 Ser、Thr 和 Tyr 的磷酸化修饰位点,可能与其调节下游基因表达的功能相适宜;二级结构以延伸链和无规则卷曲位置,推测与其活性位点形成有关。由此提示在对其进行开发及应用时,应充分考虑到不同 SOD 的性质特点,进而最大程度上发挥其功能。近年来 SOD 在农林方面的研究尤为广泛,通过转 SOD 基因提高农作物和植物的抗逆性,选择优良品种的农作物已成为一个研究热点^[12-13]。相信随着生物信息学的发展扩大,更多不同物种 SOD 的遗传信息以及进化关系将被一一阐明。

参考文献

- [1] HALLIWELL B. Reactive oxygen species and the central nervous system[J]. *Journal of Neurochemistry*, 2012, 120(5): 1609-1623.
- [2] NAVROT N, ROUHIER N, GELHAYE E, et al. Reactive oxygen species generation and antioxidant systems in plant mitochondria[J]. *Physiologia Plantarum*, 2007, 129(1): 185-195.
- [3] CORPAS F J, ANA F O, ALFONSO C, et al. The expression of different superoxide dismutase forms is cell-type dependent in olive (*Olea europaea* L.) leaves[J]. *Plant and Cell Physiology*, 2006, 47(7): 984-994.
- [4] ZELKO I N, MARIANI T J, FOLZ R J. Superoxide dismutase multigene family: a comparison of the CuZn-SOD (SOD1), Mn-SOD (SOD2), and EC-SOD (SOD3) gene structures, evolution, and expression[J]. *Free Radical Biology and Medicine*, 2002, 33(3): 337-349.
- [5] CASANO L M, MARTIN M, SABATER B. Sensitivity of superoxide dismutase transcript levels and activities to oxidative stress is lower in mature-senescent than in young barley leaves[J]. *Plant Physiology*, 1994, 106(3): 1033-1039.
- [6] BUENO P, RÍO L A D. Purification and properties of glyoxysomal cuprozinc superoxide dismutase from watermelon cotyledons (*Citrullus vulgaris* Schrad)[J]. *Plant Physiology*, 1992, 98(1): 331-336.
- [7] BUENO P, VARELA J W, GIMENEZ-GALLEGO G, et al. Peroxisomal copper - zinc superoxide dismutase[J]. *Plant Physiology*, 1995(108): 1151-1160.
- [8] 马伟荣, 童军茂, 单春会. 超氧化物歧化酶(SOD)的特征及在植物抗逆性方面的研究进展[J]. *食品工业*, 2013, 34(9): 154-158.
- [9] 弄庆媛, 麦秀英, 周虹, 等. 植物甜菜碱醛脱氢酶的生物信息学分析[J]. *北方园艺*, 2012(8): 120-124.
- [10] 侯丽霞, 王文杰, 刘新. 葡萄 VvWRKY13 转录因子的生物信息学分析[J]. *北方园艺*, 2013(13): 117-120.
- [11] 郭笑. 谷胱甘肽过氧化物酶突变体及其模拟物的表达与表征[D]. 长春: 吉林大学, 2015.
- [12] SHAFI A, GILL T, SREENIVASULU Y, et al. Improved callus induction, shoot regeneration, and salt stress tolerance in *Arabidopsis* overexpressing superoxide dismutase from *Potentilla atrosanguinea*[J]. *Protoplasma*, 2014, 252(1): 1-11.
- [13] ELSAYED M, RYUYA M, EL-KHATIB A A, et al. Characterization of the superoxide dismutase genes of the halophyte *Suaeda maritima* in Japan and Egypt[J]. *Plant Cell Reports*, 2015, 34(12): 1-12.

Bioinformatics Analysis of *Solanum lycopersicum* Superoxide Dismutase

GUO Xiao, YUAN Guangxin, WANG Manli, ZHAO Nanxi, LI Hongyu, AN Liping
(College of Pharmacy, Beihua University, Jilin, Jilin 132013)

Abstract: Superoxide dismutase (SOD) is an important antioxidant enzyme in organisms. Physicochemical properties, signal peptide, glycosylation sites, phosphorylated modification, primary and secondary structures and molecular phylogenetic evolution of seven *Solanum lycopersicum* SOD registered in NCBI had been analyzed in this study. The results showed that there were differences in their physicochemical properties. As there was no signal peptide on their amino acid sequences, none of them was secreted protein. The numbers of glycosylation sites and phosphorylated sites were different. Sequence alignment revealed that they had low homologous in different kinds of *Solanum lycopersicum* SOD, as well as the secondary structures. Molecular evolution could be as an important basis for the genetic differentiation and molecular evolution of *Solanum lycopersicum* SOD. This study provided a theoretical basis for both the enzymatic mechanism of SOD and molecular mechanism of plant resistance.

Keywords: *Solanum lycopersicum*; superoxide dismutase; bioinformatics; antioxidant