

文章编号:1000-8551(2013)08-1118-07

核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指蛋白基因的 鉴定和比较分析

蒋明 管铭 潘小翠 张金国 胡佳渭

(台州学院生命科学学院, 浙江 临海 317000)

摘要:CCCH 锌指蛋白(zinc finger proteins)广泛分布于动物、植物和微生物之中,在 RNA 代谢过程中起着重要作用,通过鉴定核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 基因,为基因克隆、表达分析和功能研究奠定基础。本研究以核盘菌和灰葡萄孢菌全基因组序列为材料,运用生物信息学的手段开展 Zf 基因的全基因组鉴定和分析。经分析,核盘菌和灰葡萄孢菌各有 11 个 Zf 基因,它们的开放性阅读框全长分别为 633~3741bp 和 633~3486bp;共检测到 55 个 CCCH 锌指基序,以 C-X₇-C-X₅-C-X₃-H(22 个)和 C-X₈-C-X₅-C-X₃-H(21 个)最为常见,其中 C-X₈-C-X₆-C-X₃-H 和 C-X₇-C-X₆-C-X₃-H 为 2 种新发现的基序类型;进化分析结果表明,22 个 Zf 基因聚为 4 组,除 SS1G_13631、SS1G_09360、BC1T_00310 和 BC1T_05217 外,核盘菌和灰葡萄孢菌的 Zf 基因分别位于不同的小分支,该结果与 Zf 基因的基因结构、基序数量和分布情况一致。

关键词:CCCH 锌指蛋白;核盘菌;灰葡萄孢菌;基因组

核盘菌(*Sclerotinia sclerotiorum*)为核盘菌科(Sclerotiniaceae)非专性寄生病原真菌,寄主多达 75 科 400 余个物种^[1-2]。核盘菌的寄主包括一些重要农作物,如油菜(*Brassica napus*)、向日葵(*Helianthus annuus*)、大豆(*Glycine max*)、菜豆(*Phaseolus vulgaris*)和青花菜(*B. oleracea* var. *italica*)等,该菌引发的菌核病为世界性病害^[3-8]。灰葡萄孢菌(*Botrytis cinerea*)的有性世代为葡萄核盘菌,也是一种核盘菌科真菌。灰葡萄孢菌的寄主十分广泛,它感染双子叶植物和非禾本科单子叶植物,全球有 200 余种农作物严重受害,包括蛋白类作物、油料作物、纤维作物和园艺作物等^[9]。灰葡萄孢菌与核盘菌在分类学上的关系十分相近,并由于二者均具有寄主广泛性和环境持久性等特性,这两种病原真菌已经成为研究腐生菌和广谱致病性病原菌的模式物种^[2, 10-11]。

锌指蛋白(zinc finger proteins)是一类广泛存在于生物有机体的转录因子,参与诸多细胞活动,包括转录调控、RNA 结合、细胞凋亡及蛋白互作等,涉及到繁殖、生长发育及逆境反应等^[12]。根据二级结构中半胱氨酸(Cysteine, C)和组氨酸(Histidine, H)的数量及

排列次序,锌指蛋白可分为 C₂H₂、C₂C₂、C₂C₂C₂、C₂HC、C₂C₂C₂C₂、C₂HCC₂C₂ 和 CCCH 等七种类型^[13-15]。CCCH 锌指蛋白(Zf)所占比例较小,仅 0.8%左右^[16]。CCCH 锌指基序为 C-X₆₋₁₄-C-X₄₋₅-C-X₃-H^[14],富含甘氨酸和苯丙氨酸。Zf 基因家族参与多种生物学过程,目前对它们的精确功能知之甚少,灰葡萄孢菌与核盘菌的 Zf 家族基因相关的研究也未见报道,同时灰葡萄孢菌与核盘菌的全基因组测序已完成,这为 Zf 基因家族成员的鉴定、进化分析和功能研究提供了契机。本研究以两种病原真菌的全基因组序列为材料,综合运用各种生物信息学手段,对 Zf 家族基因开展全基因组鉴定并进行比较分析,为基因的克隆、表达分析和功能验证奠定基础。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

核盘菌和灰葡萄孢菌的基因组序列、基因序列和蛋白质序列等均来自 <http://www.broadinstitute.org>,两种病原菌分别有 14522 个和 16448 个基因;Zf 家族

收稿日期:2012-9-26 接受日期:2013-01-16

基金项目:台州市科技计划项目(121KY16),浙江省公益性技术应用研究计划项目(2012C32011)

通讯作者:蒋明,男,副教授,从事植物发育生物学及其分子调控研究。E-mail:jiangming1973@139.com

的隐马尔可夫模型 (Hidden Markov Model, HMM) 文件 PF00642 下载自 <http://pfam.sanger.ac.uk>^[17]。

1.2 方法

结构域搜索程序为 *hmmsearch*^[18], 以 Zf 的 HMM 文件为种子, 分别搜索核盘菌和灰葡萄孢菌的蛋白质序列, 获得各自的 Zf 候选序列。借助 SMART 在线工具 (<http://smart.embl.de>)^[19], 去除不含 CCCH 型锌指基序的序列。利用在线基因结构显示系统 (Gene Structure Display Server, GSDS) (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn>)^[20], 获得核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 家族各基因的结构。

借助在线工具 MEME Suite (<http://meme.sdsc.edu/meme/cgi-bin/meme.cgi>)^[21], 搜寻 Zf 序列的基序, 最大基序数量 (maximum number of motifs) 设为 10, 其它参数采用默认值。CCCH 蛋白序列经 Clustal W 对齐后, 用 MEGA 3.1 构建系统发生树, 建树方法采用邻接法^[22]。

2 结果与分析

2.1 CCCH 型锌指蛋白基因的鉴定

以 PF00642 为种子文件, 利用 HMMER 3.0 软件

包中的 *hmmsearch* 程序分别搜索核盘菌和灰葡萄孢菌本地蛋白质数据库, 经 SMART 在线工具检测后去除不含锌指结构域的序列, 再经 MEGA3.1 检测去除重复序列后, 共获得 22 条完整的 Zf 序列, 核盘菌和灰葡萄孢菌各 11 条 (表 1)。核盘菌 Zf 序列分布在 8 个 Supercontig 拼接序列上, 灰葡萄孢菌的 Zf 序列则出现在 10 个 Supercontig 拼接序列上。

在 22 个蛋白序列中共检测到 55 个 CCCH 型锌指基序。核盘菌中 CCCH 型锌指基序的数量为 1-5 个, 其中 SS1G_05895 最多; SS1G_02095 次之, 为 4 个; 而 SS1G_01333、SS1G_07913 和 SS1G_11427 最少。灰葡萄孢菌 CCCH 型锌指基序数量也是 1-5 个, BC1T_01596 最多; BC1T_00310、BC1T_07940 和 BC1T_09345 次之, 为 4 个; BC1T_07760、BC1T_08876 和 BC1T_09743 最少, 仅 1 个。

CCCH 型锌指基序中, C-X₇-C-X₅-C-X₃-H 类型数量最多, 共有 22 个; C-X₈-C-X₅-C-X₃-H 类型次之, 有 21 个; 另有 C-X₈-C-X₄-C-X₃-H、C-X₇-C-X₄-C-X₃-H 和 C-X₁₇-C-X₆-C-X₃-H 类型, 分别为 6 个、2 个和 2 个; 同时, 新发现了 2 种 CCCH 型锌指基序, 它们是 C-X₈-C-X₆-C-X₃-H 和 C-X₇-C-X₆-C-X₃-H 类型, 为 SS1T_09360 所特有 (图 1)。

表 1 核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指蛋白基因家族成员的鉴定

Table 1 Identification of CCCH zinc finger gene family members from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

核盘菌 <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>				灰葡萄孢菌 <i>Botrytis cinerea</i>			
基因名称 Gene name	位置 Locus	开放性阅读 框长度 Length of open reading frame /bp	CCCH 锌指 基序数量 Number of CCCH zinc finger motifs	基因名称 Gene name	位置 Locus	开放性阅读 框长度 Length of open reading frame/bp	CCCH 锌指 基序数量 Number of CCCH zinc finger motifs
SS1G_01333	Supercontig 2	2310	1	BC1T_07760	Supercontig 44	1746	1
SS1G_01415	Supercontig 2	1209	3	BC1T_08876	Supercontig 50	969	1
SS1G_02095	Supercontig 2	3741	4	BC1T_09743	Supercontig 66	2307	1
SS1G_04219	Supercontig 5	2214	2	BC1T_00189	Supercontig 1	2217	2
SS1G_04229	Supercontig 5	633	2	BC1T_05217	Supercontig 22	2520	2
SS1G_05895	Supercontig 7	933	5	BC1T_06447	Supercontig 34	1086	2
SS1G_07913	Supercontig 10	1791	1	BC1T_10530	Supercontig 72	633	2
SS1G_11427	Supercontig 18	1290	1	BC1T_00310	Supercontig 1	2742	4
SS1G_13466	Supercontig 25	1089	2	BC1T_07940	Supercontig 43	1464	5
SS1G_13631	Supercontig 26	2490	3	BC1T_09345	Supercontig 59	3486	4
SS1G_09360	Supercontig 13	1671	2	BC1T_01596	Supercontig 4	783	5

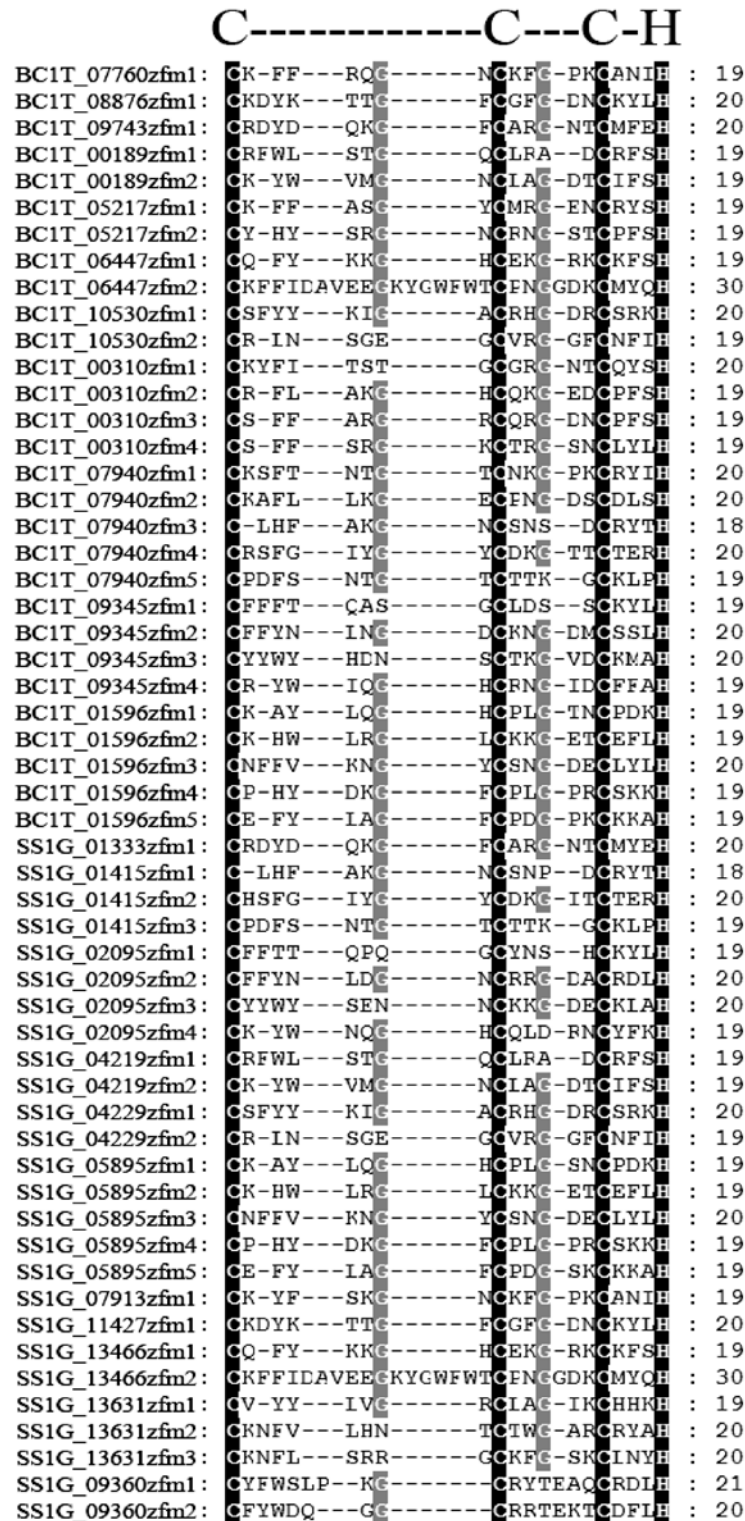


图1 核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指基序的比对

Fig. 1 Motif comparisons of CCCH zinc fingers from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

2.2 CCCH 锌指蛋白基因的特征

核盘菌 Zf 家族基因的开放性阅读框(open reading

frame, ORF)全长为 633 ~ 3741bp, 编码 210 ~ 1246 个氨基酸;灰葡萄孢菌 Zf 家族基因的 ORF 全长为 633 -

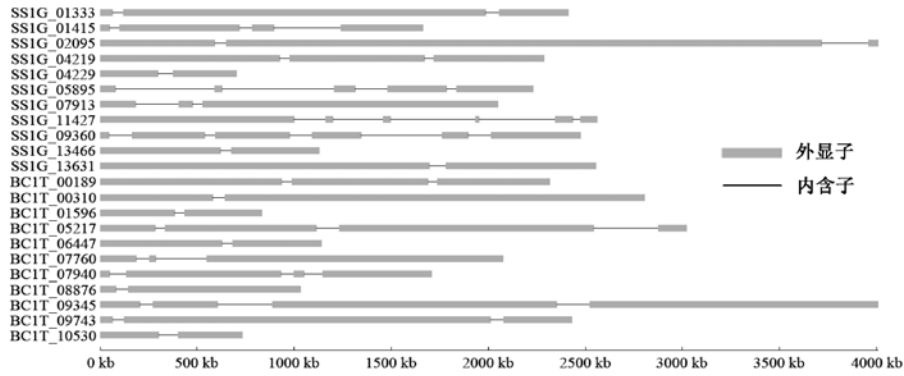


图 2 核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指蛋白基因的结构

Fig. 2 CCCH zinc finger genes structures from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

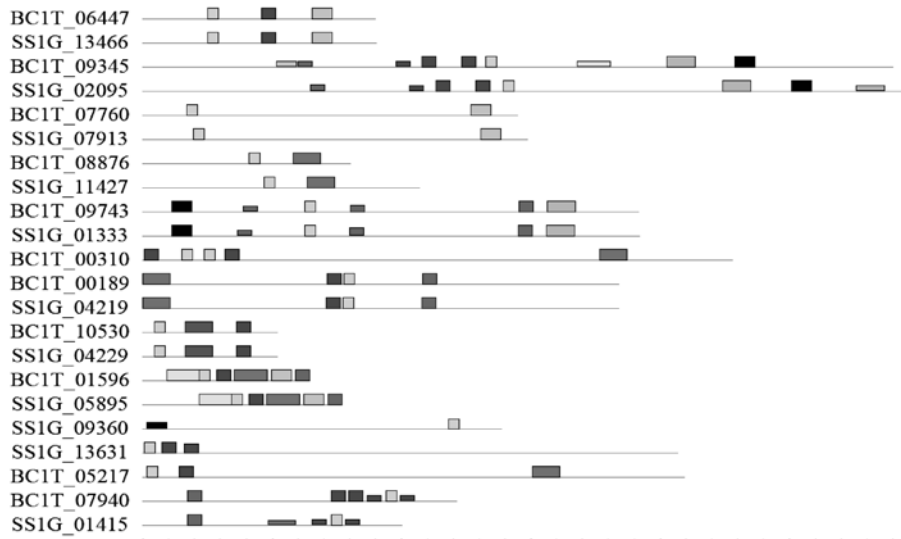


图 3 核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指蛋白的基序

Fig. 3 Motifs of CCCH zinc finger proteins from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

3486bp, 编码 210 - 1161 个氨基酸。基因结构在线分析结果表明,核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 家族基因的内含子数量为 1 - 5 个,核盘菌的 Zf 家族中 SS1G_11427 和 SS1G_09360 内含子数量最多,各有 5 个,SS1G_05895 次之,为 4 个;核盘菌的 SS1G_04229、SS1G_13466 及 SS1G_13631 和灰葡萄孢菌的 BC1T_00310、BC1T_01596、BC1T_06447、BC1T_08876 及 BC1T_10530 均只有 1 个内含子,大部分内含子的长度为数十个 bp 到 500bp 不等,最长的内含子也小于 1000bp,为 SS1G_05895 所有(图 2)。

2.3 CCCH 锌指蛋白的基序分析

利用 MEME 在线工具对核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 家族的 22 个基因进行保守性基序分析,结果表明,核

盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 的基序有 2 - 9 个(图 3)。*BC1T_09345* 的基序数量最多,有 9 个;*SS1G_02095* 有 8 个基序;*BC1T_07760*、*BC1T_09743*、*BC1T_09743*、*SS1G_11427* 和 *SS1G_09360* 的保守基序最少,仅 2 个;除 *BC1T_00310* 和 *SS1G_09360* 外,其它都能找到基序相似的序列,其中 *SS1G_04229* 和 *BC1T_10530* 的基序排列与序列长度完全一致,而 *BC1T_06447* 与 *SS1G_13446* 仅存在一个氨基酸残基的差异。

2.4 进化分析

核盘菌和灰葡萄孢菌的 Zf 家族基因序列经 Clustal X 对齐后,保存为 MSF 文件,再用 MEGA 3.1 将其转换为 meg 格式并构建系统发生树,建树方法为邻接法,经 1000 次自举检测。结果表明,22 个 Zf 基因

在进化树上处于 4 个不同分支,其中的 *BC1T_10530*、*SS1G_04229*、*BC1T_01596*、*SS1G_05895*、*BC1T_00189* 和 *SS1G_04219* 聚为一组, *BC1T_08876*、*SS1G_11427*、*BC1T_09743* 和 *SS1G_01333* 聚为一组, *SS1G_09360*、*SS1G_13631*、*BC1T_05217*、*BC1T_07940* 和 *SS1G_01415* 聚为一组, 剩余 7 条序列单独聚为一组。

除 *SS1G_13631*、*SS1G_09360*、*BC1T_00310* 和 *BC1T_05217* 外, 核盘菌和灰葡萄孢菌的 Zf 序列两两聚合, 如 *BC1T_10530* 与 *SS1G_04229*、*BC1T_01596* 与 *SS1G_05895* 及 *BC1T_09743* 与 *SS1G_01333* 等成对处于不同的小分支(图 4)。

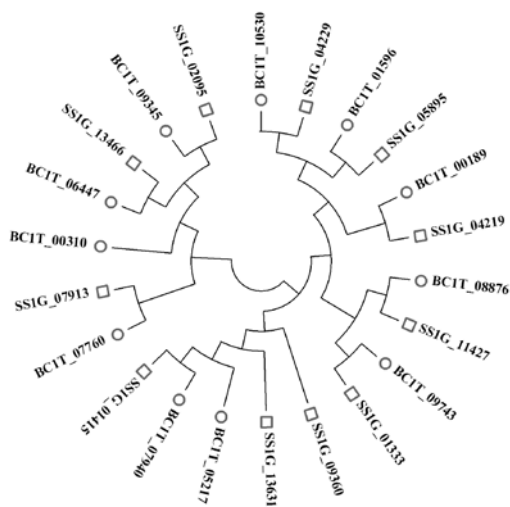


图 4 核盘菌和灰葡萄孢菌 CCCH 锌指蛋白的进化分析

Fig. 4 Phylogenetic analysis of CCCH zinc finger genes from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

3 讨论

大部分锌指蛋白与 DNA、蛋白质相互作用, 而 Zf 主要参与 RNA 代谢, 是一类 RNA 结合蛋白, 与 RNA 的剪切、多腺苷化和降解相关^[23]。Zf 广泛分布于动物、植物和微生物之中, 其中小鼠 (*Mus musculus*) 和人 (*Homo sapiens*) 基因组中分别有 58 和 55 个成员^[24]; 在拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 和水稻 (*Oryza sativa*) 中分别鉴定出 68 和 67 个 Zf 成员, 它们可分为 11 和 8 个亚家族, 其中的大部分成员与生物或非生物胁迫相关, 推测它们在逆境反应中起着重要作用^[25]; 玉米 (*Zea mays*) 中至少有 68 个成员, 分布在 10 条不同染

色体上, 系统发育分析表明它们可分为 7 类^[26]; 毛果杨 (*Populus trichocarpa*) 基因组中有 91 个 Zf 基因, 可分为 13 组, 同组成员的基因结构和基序组成十分相似^[27]。本研究以核盘菌和灰葡萄孢菌基因组序列为材料, 共得到 22 个 Zf 家族的基因, 两种病原真菌各有 11 个, 与小鼠、人、拟南芥、水稻、毛果杨和玉米相比, 核盘菌和灰葡萄孢 Zf 基因的数量相对较少。

典型的 Zf 含有 1-6 个锌指基序。在玉米中, 利用 Pfam 和 SMART 共鉴定出 180 个 CCCH 锌指基序; 毛果杨中最多, 有 211 个; 而拟南芥和水稻中相对较少, 分别为 152 和 150 个^[25-27]; 核盘菌和灰葡萄孢菌的 CCCH 锌指基序的数量较少, 分别为 26 和 29 个, 平均每个 Zf 含 2.4 和 2.6 个。在毛果杨、水稻和拟南芥中, Zf 的基序数量为 1~6 个; 而玉米中除 1~6 个拷贝外, 还发现了含 7 个 CCCH 锌指基序的序列^[26]; 核盘菌和灰葡萄孢菌中为 1-5 个, 没有发现含 6 个 CCCH 锌指基序的蛋白。CCCH 锌指基序的通式为 C-X₆₋₁₄-C-X₄₋₅-C-X₃-H^[14], 在拟南芥、水稻和玉米 Zf 家族中, 基序 C-X₈-C-X₅-C-X₃-H 和 C-X₇-C-X₅-C-X₃-H 最为常见, 认为 C-X₇₋₈-C-X₅-C-X₃-H 为原始类型^[27]。在玉米中发现了一个新基序 C-X₁₇-C-X₆-C-X₃-H, 这种类型的基序在核盘菌和灰葡萄孢菌中也有 (*BC1T_06447* 和 *SS1T_13466*), 此外, 还新发现 C-X₈-C-X₆-C-X₃-H (灰葡萄孢菌) 和 C-X₇-C-X₆-C-X₃-H (核盘菌) 两种 CCCH 锌指基序。

从基因结构看, 核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 基因的内含子数量为 1~5 个, 而在玉米中, 有 5 个 Zf 基因不具内含子。核盘菌和灰葡萄孢菌 Zf 基因的内含子长度从数十个 bp 到 1000bp 不等, 而玉米 Zf 基因的内含子大小为数十 bp 至 16000bp, 变异范围比两种病原菌大^[26]。核盘菌和灰葡萄孢菌同属核盘菌科, 是两种亲缘关系较近的病原真菌, 它们的基因组大小、GC 含量、简单重复序列的丰度及分布都有很高的相似性^[10]。本研究通过对二者的 Zf 家族基因进行分析, 也得到了类似的结果, 除个别 Zf 基因 (*SS1G_13631*、*SS1G_09360*、*BC1T_00310* 和 *BC1T_05217*) 外, 核盘菌和灰葡萄孢菌的 Zf 两两处于不同的小分支, 两两聚合的 Zf 家族成员在基因结构上十分相近, 在基序数量和分布上也较为一致。除 CCCH 锌指基序外, 同时在玉米 Zf 家族基因中鉴定出 ANK、WD-40、RRM、DEXDc 和 HELICc 等基序, 它们与 RNA 结合相关^[26]; 本研究在核盘菌和灰葡萄孢菌的 Zf 家族基因中, 用 MEME 在线工具同时也鉴定出 2~9 个保守性基序, 这些基序可能参与 RNA 的代谢过程^[26]。

本文以核盘菌和灰葡萄孢菌的全基因组序列为材料,在鉴定 Zf 家族基因的基础上,对家族成员的结构和特征进行了研究,并进行了系统发育分析,为两种病原菌 Zf 家族基因的克隆、表达分析和基因功能验证奠定了基础。

参考文献:

- [1] Boland G J, Hall R. Index of plant hosts of *Sclerotinia sclerotiorum* [J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 1994, 16: 93 – 108
- [2] Bolton M D, Thomma B P H J, Nelson B D. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen [J]. Molecular Plant Pathology, 2006, 7: 1 – 16
- [3] Garg H, Li H, Sivasithamparam K, Kuo J, Barbetti M J. The infection processes of *Sclerotinia sclerotiorum* in cotyledon tissue of a resistant and a susceptible genotype of *Brassica napus* [J]. Annals of Botany, 2010, 106(6): 897 – 908
- [4] Peluffo L, Lia V, Troglia C, Maringolo C, Norma P, Escande A, Esteban Hopp H, Lytovchenko A, Fernie A R, Heinz R, Carrari F. Metabolic profiles of sunflower genotypes with contrasting response to *Sclerotinia sclerotiorum* infection [J]. Phytochemistry, 2010, 71(1): 70 – 80
- [5] 钟军, 李杓, 官春云. 芸薹属植物抗菌核病的研究进展 [J]. 中国油料作物学报, 2002, 24(3): 78 – 81
- [6] Hoffman D D, Hartman G L, Mueller D S, Leitz R A, Nickell C D, Pedersen W L. Yield and seed quality of soybean cultivars infected with *Sclerotinia sclerotiorum* [J]. Plant Disease, 1998, 82: 826 – 829
- [7] Tonneijck A E G, Leone G. Changes in susceptibility of bean leaves (*Phaseolus vulgaris*) to *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea* by pre-inoculative ozone exposures [J]. European Journal of Plant Pathology, 1993, 99(5 – 6): 313 – 322
- [8] Singh B K, Singh G P, Singh R B, Dabbas M R. Management of stem rot of broccoli caused by *Sclerotinia sclerotiorum* through cultural practices [J]. International Journal of Plant Pathology, 2011, 4(1): 20 – 22
- [9] Williamson B, Tudzynski B, Tudzynski P, van Kan J A. *Botrytis cinerea*: the cause of grey mould disease [J]. Molecular Plant Pathology, 2007, 8(5): 561 – 580
- [10] 李伟, 陈怀谷, 张爱香, 陈丽华, 姜伟丽. 核盘菌和灰葡萄孢基因组中的简单重复序列分析 [J]. 遗传, 2007, 29(9): 1154 – 1160
- [11] Amselem J, Cuomo C A, van Kan J A, Viaud M, Benito E P, Couloux A, Coutinho P M, de Vries R P, Dyer PS, Fillinger S, Fournier E, Gout L, Hahn M, Kohn L, Lapalu N, Plummer K M, Pradier J M, Quévillon E, Sharon A, Simon A, ten Have A, Tudzynski B, Tudzynski P, Wincker P, Andrew M, Anthouard V, Beever R E, Beffa R, Benoit I, Bouzid O, Brault B, Chen Z, Choquer M, Collémare J, Cotton P, Danchin E G, Da Silva C, Gautier A, Giraud C, Giraud T, Gonzalez C, Grossetete S, Guldener U, Henrissat B, Howlett B J, Kodira C, Kretschmer M, Lappartient A, Leroch M, Levis C, Mauceli E, Neuvéglise C, Oeser B, Pearson M, Poulain J, Poussereau N, Quesneville H, Rascle C, Schumacher J, Ségurens B, Sexton A, Silva E, Sirven C, Soanes D M, Talbot N J, Templeton M, Yandava C, Yarden O, Zeng Q, Rollins J A, Lebrun M H, Dickman M. Genomic analysis of the necrotrophic fungal pathogens *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea* [J]. PLoS Genetics, 2011, 7(8): e1002230
- [12] Giftci – Yilmaz S, Mittler R. The zinc finger network of plants [J]. Cellular and Molecular Life Sciences, 2008, 65(7 – 8): 1150 – 1160
- [13] 李晓波, 张俊武. 真核生物中锌指蛋白的结构与功能 [J]. 中国生物化学与分子生物学报, 2009, 25(3): 206 – 211
- [14] Berg J M, Shi Y. The galvanization of biology: a growing appreciation for the roles of zinc [J]. Science, 1996, 271(5252): 1081 – 1085
- [15] 秦智慧, 杨青川, 晁跃辉, 康俊梅. CCCH 型锌指蛋白研究进展 [J]. 生物技术通报, 2010, 8: 1 – 6
- [16] Hall T M. Multiple modes of RNA recognition by zinc finger proteins [J]. Current Opinion in Structural Biology, 2005, 15: 367 – 373
- [17] Bateman A, Coin L, Durbin R, Finn R D, Hollich V, Griffiths-Jones S, Khanna A, Marshall M, Moxon S, Sonnhammer E L, Studholme D J, Yeats C, Eddy S R. The Pfam protein families database [J]. Nucleic Acids Research, 2008, 36(Database issue): 281 – 288
- [18] Finn R D, Clements J, Eddy S R. HMMER web server: interactive sequence similarity searching [J]. Nucleic Acids Research, 2011, 39(Web Server issue): 29 – 37
- [19] Letunic I, Doerks T, Bork P. SMART 7: recent updates to the protein domain annotation resource [J]. Nucleic Acids Research, 2012, 40(Database issue): 302 – 305
- [20] 郭安源, 朱其慧, 陈新, 罗静初. GSDS: 基因结构显示系统 [J]. 遗传, 2007, 29(8): 1023 – 1026
- [21] Bailey T L, Boden M, Buske F A, Frith M, Grant C E, Clementi L, Ren J, Li W W, Noble W S. MEME SUITE: tools for motif discovery and searching [J]. Nucleic Acids Research, 2009, 37(Web Server issue): 202 – 208
- [22] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. Briefings in Bioinformatics, 2004, 5: 150 – 163
- [23] Deng H, Liu H, Li X, Xiao J, Wang S. A CCCH-type zinc finger nucleic acid-binding protein quantitatively confers resistance against rice bacterial blight disease [J]. Plant Physiology, 2012, 158(2): 876 – 889
- [24] Liang J, Song W, Tromp G, Kolattukudy P E, Fu M. Genome-wide survey and expression profiling of CCCH-zinc finger family reveals a functional module in macrophage activation [J]. PLoS One, 2008, 3(8): 2880
- [25] Wang D, Guo Y, Wu C, Yang G, Li Y, Zheng C. Genome-wide analysis of CCCH zinc finger family in *Arabidopsis* and rice [J]. BMC Genomics, 2008, 9: 44
- [26] Peng X, Zhao Y, Cao J, Zhang W, Jiang H, Li X, Ma Q, Zhu S, Cheng B. CCCH-type zinc finger family in maize: genome-wide identification, classification and expression profiling under abscisic

acid and drought treatments [J]. PLoS One, 2012, 7(7): e40120
[27] Chai G, Hu R, Zhang D, Qi G, Zuo R, Cao Y, Chen P, Kong Y,
Zhou G. Comprehensive analysis of CCCH zinc finger family in

poplar (*Populus trichocarpa*) [J]. BMC Genomics, 2012, 13(1):
253

Identification and Comparative Analysis of CCCH Zinc Finger Genes from *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*

JIANG Ming GUAN Ming PAN Xiao-cui Zhang Jin-guo HU Jia-wei

(College of Life Science, Taizhou University, Linhai Zhejiang 317000)

Abstract: CCCH zinc finger proteins (Zf) are widely distributed in animals, plants as well as microorganisms, and play important roles in RNA metabolism. Identification of Zf genes in *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea* will provide a basis for gene cloning, expression as well as function analysis. Genome-wide survey and comparative analysis of Zf genes were performed in *S. sclerotiorum* and *B. cinerea* by bioinformatics methods. Eleven Zf gene members were identified from *S. sclerotiorum* and *B. cinerea*, respectively. Full-length of open reading frames were of 633 – 3741bp in *S. sclerotiorum* and 633 – 3486bp in *B. cinerea*, respectively. Totally 55 CCCH zinc finger motifs were identified. Besides the two most abundant CCCH zinc finger motifs, C-X₇-C-X₅-C-X₃-H (22) and C-X₈-C-X₅-C-X₃-H (21), C-X₈-C-X₆-C-X₃-H and C-X₇-C-X₆-C-X₃-H were found to be two novel CCCH zinc finger motifs. Phylogenetic analysis results indicated the 22 CCCH zinc finger proteins were clustered into 4 groups. Except for SS1G_13631, SS1G_09360, BC1T_00310 and BC1T_05217, other Zf genes from *S. sclerotiorum* and *B. cinerea* belonged to different subfamilies in the form of orthologous pairs, and the results were consistent well with gene structures, motif numbers as well as distributions.

Key words: CCCH zinc finger proteins; *Sclerotinia sclerotiorum*; *Botrytis cinerea*; Genome