

覃悦, 祝友朋, 韩长志. 黄单胞菌分泌蛋白的理化性质及特征分析[J]. 华中农业大学学报, 2020, 39(6): 30-36.

DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2020.06.005

黄单胞菌分泌蛋白的理化性质及特征分析

覃悦, 祝友朋, 韩长志

西南林业大学生物多样性保护学院/云南省森林灾害预警与控制重点实验室, 昆明 650224

摘要 基于全基因组序列已经公布的黄单胞菌 *Xanthomonas campestris* B100、*Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 8004、*Xanthomonas campestris* CN14 中分泌蛋白序列为基础数据, 采用 ProtScale、SMART、TargetP 2.0 Server 等生物信息学分析软件对上述分泌蛋白展开理化性质、保守结构域以及转运肽等分析, 结果显示: 黄单胞菌中分泌蛋白理论等电点与氨基酸长度之间无相关关系, 44.73% 的蛋白为不稳定蛋白, 83.21% 的蛋白亲水性小于 0, 属于亲水性蛋白。同时, 在每种黄单胞菌的分泌蛋白中, 具有明显保守结构域的蛋白数量平均为 12 个, 并且所有分泌蛋白均具有信号肽, 转运肽预测可能性分布也较为平均。

关键词 黄单胞菌; 分泌蛋白; 理化性质; 生物信息学分析; 植物病原菌; 亚细胞定位; 转运肽

中图分类号 S 435.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2020)06-0030-07

黄单胞菌(*Xanthomonas campestris*) 在分类上归属于薄壁菌门(Gracilicutes)暗细菌纲(Scotobacteria)假单胞菌科(Pseudomonadaceae)黄单胞菌属(*Xanthomonas*)^[1]。前人研究发现, 该菌是专性好氧、化能有机营养型革兰氏阴性植物病原细菌, 能引起十字花科蔬菜及芒果、核桃等多种重要农林经济植物病害, 给生产上造成巨大的经济损失, 严重影响着上述农林产业的健康发展。近年对该菌的研究主要集中于致病基因功能^[2]、HarpinX 耐热机制^[3]、转录调节因子^[4]、效应蛋白^[6]、该菌与黄原胶的作用关系^[7]以及分类研究^[8]等方面。

植物作为生物界的重要生产者之一, 在其生长发育的全过程中始终受到来自于真菌、细菌和卵菌等微生物的侵染^[9]。特别是近年随着对上述微生物分泌蛋白、CAZymes 蛋白研究的不断深入^[10], 证实病原细菌与植物相互作用过程中, 病原细菌通过分泌系统将分泌蛋白输入到寄主组织中, 以更好地侵染植物, 这些分泌蛋白还可作为效应分子与植物中的防卫反应相关分子发生作用, 从而在植物中实现定殖、扩展等^[11]。前人已对稻瘟菌^[12]、致病疫霉菌^[13]和大丽轮枝菌^[14]等植物病原真菌分泌蛋白开

展了大量研究, 笔者所在研究室前期已完成对黄单胞菌 *X. campestris* B100、*X. campestris* CN14、*X. campestris* pv. *campestris* 8004 (上述菌株登录号分别为 GCA_000070605.1、GCA_000401735.2、GCA_000012105.1, 以下分别简称为 XCB100、XC8004、XCCN14) 等黄单胞菌中分泌蛋白的预测工作, 然而, 尚不清楚其理化性质、保守结构域以及亚细胞定位情况, 制约着对该病菌分泌蛋白功能的进一步研究。本研究基于前期研究结果, 利用 ProtScale、SMART、TargetP 2.0 Server 等生物信息学分析软件对上述分泌蛋白展开理化性质、保守结构域以及转运肽等分析, 以期深入开展对分泌蛋白在黄单胞菌侵入寄主植物过程中功能解析奠定基础, 也为后续开展生物学实验提供重要的理论支撑。

1 材料与方法

1.1 分泌蛋白序列来源

前期笔者所在研究室根据分泌蛋白所具有的典型特征, 从信号肽、亚细胞定位以及跨膜结构等方面入手, 利用诸多生物信息学分析软件, 确定黄单胞菌 XCB100、XCCN14 和 XC8004 中具有典型特征的分

收稿日期: 2020-06-15

基金项目: 国家自然科学基金项目(31960314); 云南省应用基础研究计划项目(2018FG001-028); 云南省研发经费投入补助项目(2016YB462&2017YB236)

覃悦, 硕士研究生. 研究方向: 资源利用与植物保护. E-mail: 453276403@qq.com

通信作者: 韩长志, 博士, 副教授. 研究方向: 经济林木病害生物防治与真菌分子生物学. E-mail: hanchangzhi2010@163.com

泌蛋白数量分别为 135、135、128 个。

1.2 分泌蛋白理化性质分析

运用 Protscale 蛋白质数据库分析分泌蛋白质的理化性质,包括理论等电点、不稳定性系数、亲水性、疏水性等^[15]。

1.3 分泌蛋白保守结构域分析

采用 SMART^[16] 分析分泌蛋白质的保守结构域。

1.4 分泌蛋白转运肽分析

采用 TargetP 2.0^[17] 分析分泌蛋白质的转运肽。

1.5 数据分析

采用 Microsoft Excel 对所获得的数据进行分析,并采用 Origin 作图软件完成分析图制作。

2 结果与分析

2.1 分泌蛋白理论等电点分析

采用 Protscale 蛋白质数据库分析 XCB100、XC8004、XCCN14 中的分泌蛋白所具有的理论等电点,可知其分别为 3.71~11.39、3.92~11.07、3.71~11.39(图 1A),进一步分析发现,XCB100 分泌蛋白中,位于 8.51~9.00 和 9.01~9.50 的分泌蛋白数量最多(均为 18 个,比例为 13.24%),其次位于 5.51~6.00 的分泌蛋白数量(为 17 个,比例为 12.25%);XC8004 分泌蛋白中,位于 9.01~9.50 的分泌蛋白数量最多(18 个,比例为 13.33%),再是是位于 5.51~6.00 的分泌蛋白数量(为 17 个,比例为 12.59%);XCCN14 分泌蛋白中,位于 8.51~9.00 的分泌蛋白数量最多(19 个,比例为 14.07%),其次是位于 6.01~6.50 的分泌蛋白数量(为 17 个,比例为 12.59%)(图 1A)。

同时,按照理论等电点数值大小将分泌蛋白酸性分为酸性(小于 6.0)、中性(6.0~8.0)以及碱性(大于 8.0)蛋白,对 XCB100、XC8004、XCCN14 中的分泌蛋白理论等电点进行分析,结果显示:XCB100 分泌蛋白中,酸性蛋白数量为 43 个(比例为 31.85%),中性蛋白数量为 35 个(比例为 25.93%),碱性蛋白数量为 57 个(比例为 42.22%);XC8004 分泌蛋白中,酸性蛋白数量为 44 个(比例为 34.38%),中性蛋白数量为 27 个(比例为 21.09%),碱性蛋白数量为 57 个(比例为 44.53%);XCCN14 分泌蛋白中,酸性蛋白数量为 34 个(比例为 25.19%),中性蛋白数量为 40 个(比例为 29.63%),碱性蛋白数量为 61 个(比例为 45.19%)(图 1A)。上述结果表明,3 种黄单胞菌中分泌蛋白的理论等电点数值范围具有较大的相似性,酸性、中性及碱性蛋白所占比例基本相似,尤以碱性蛋白所占比例较高,高于 40%。进一步对上述 3 种黄单胞菌中分泌蛋白理论等电点与氨基酸长度之间的关系进行分析,结果显示,3 种黄单胞菌中分泌蛋白的氨基酸长度多为 100~400 aa,理论等电点多分布于 4.5~7.0 以及 7.5~10.0,并且理论等电点与氨基酸长度之间无明显相关关系(图 1B)。

与此同时,通过对分泌蛋白的原子数量、分子量及分子式、消光系数、脂肪族氨基酸指数和半衰期等分析,发现不同类型分泌蛋白所含正、负电荷氨基酸残基数不同,即碱性蛋白的负电荷氨基酸残基数均小于正电荷氨基酸残基数;酸性蛋白中的正电荷氨基酸残基数都小于负电荷氨基酸残基数;而中性蛋白中的正负电荷氨基酸残基数基本相同;此外,分子数量较大的蛋白,其原子数量也较多(数据未显示)。

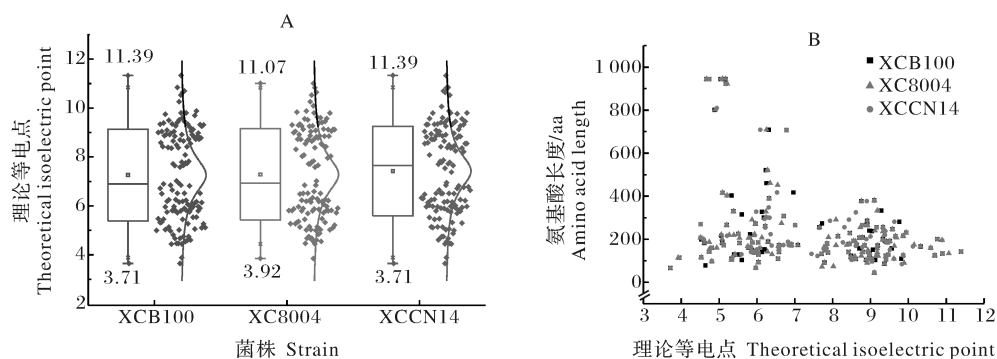


图 1 黄单胞菌中分泌蛋白理论等电点分布(A)及其与氨基酸长度之间关系(B)情况

Fig.1 The theoretical isoelectric point distribution of secretory proteins(A) in *X. campestris* and its relationship with amino acid length(B)

2.2 分泌蛋白不稳定系数及亲水性分析

就所预测的不稳定系数而言,黄单胞菌 XCB100、XC8004、XCCN14 的分泌蛋白中分别有 61、58 以及 59 个蛋白的不稳定性系数大于 40,属于不稳定蛋白,所占比例分别为 45.19%、45.32%、43.70%,其他均为稳定蛋白(图 2A)。就疏水性而

言,XCB100、XC8004、XCCN14 的分泌蛋白中分别有 112、111 以及 112 个蛋白总平均亲水性小于 0,属于亲水性蛋白,所占比例分别为 82.96%、86.72%和 82.96%,其余总平均亲水性均大于 0,属于疏水性蛋白,所占比例分别为 17.04%、13.28%和 17.04%(图 2B)。

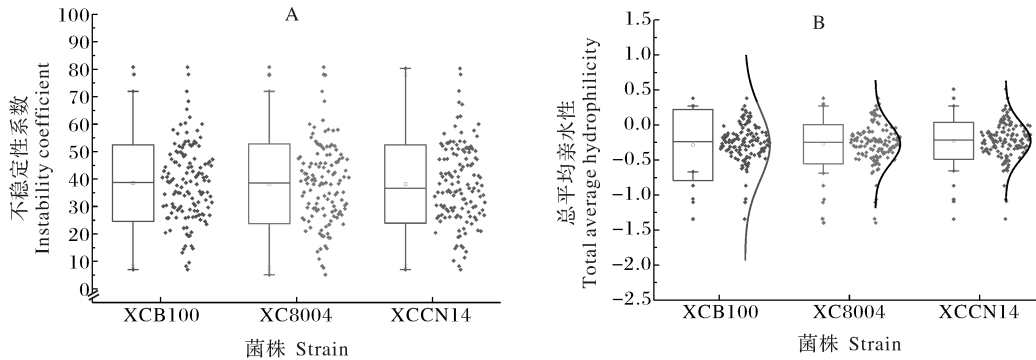


图 2 黄单胞菌中分泌蛋白不稳定系数(A)及总平均亲水性(B)分布情况

Fig.2 Instability coefficient and total average hydrophilicity distribution of secretory proteins in *X. campestris*

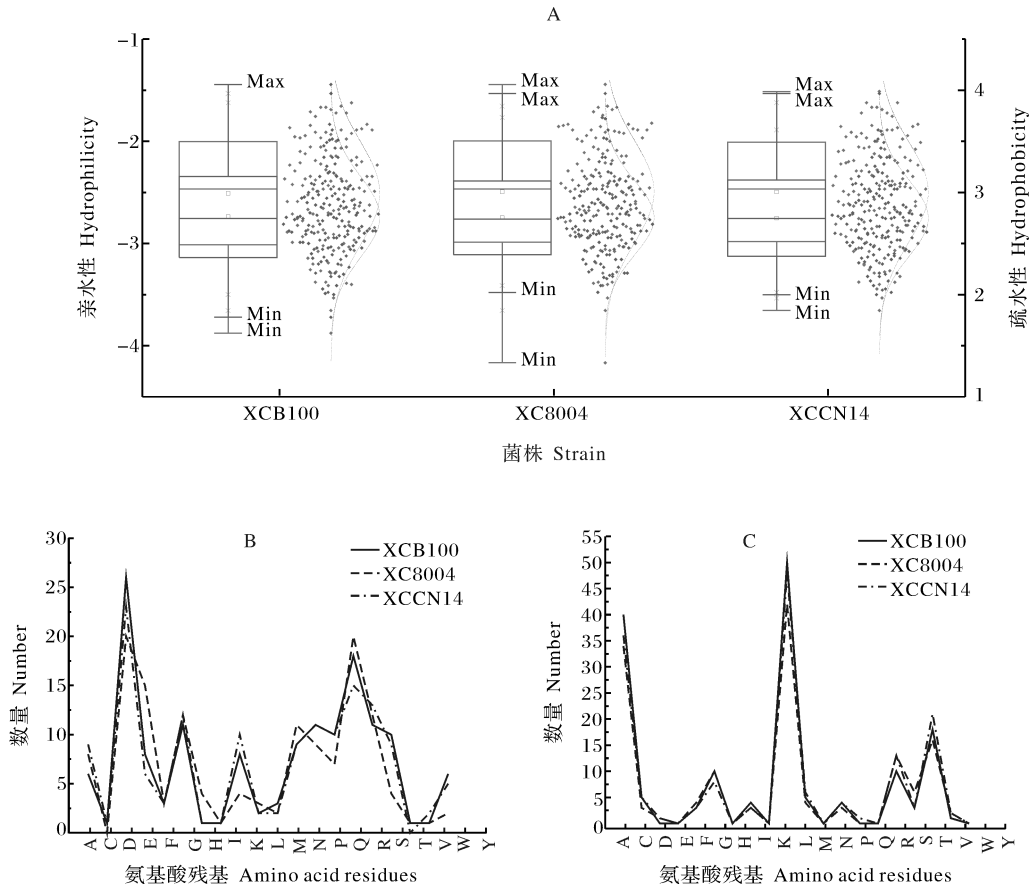
同时,对 3 种黄单胞菌中分泌蛋白的最强亲(疏)水性氨基酸残基基本情况进行分析,结果显示,在 XCB100 中,尤以 ID 为 WP_012437464.1 的分泌蛋白中位于 177、178 位的 D(天冬氨酸)和 Q(谷氨酰胺)亲水性最高,数值为 -3.878,而 ID 为 WP_012437104.1 的分泌蛋白中位于 121 位的 L(亮氨酸)疏水性最高,数值为 4.056;在 XC8004 中,尤以 ID 为 WP_011035929.1 位于 68、69 位的 R(精氨酸)和 D 亲水性最高,数值为 -4.167,而 ID 为 WP_011037118.1 位于 7 位的 V(缬氨酸)疏水性最高,数值为 3.967;在 XCCN14 中,尤以 ID 为 WP_012438695.1 位于 123 位的 A(丙氨酸)亲水性最高,数值为 -3.656,而 ID 为 WP_011037118.1 位于 7 位的 V 疏水性最高,数值为 3.967(图 3A)。进一步对每个分泌蛋白的最强亲(疏)水性氨基酸残基进行分析,结果显示:最强亲水性氨基酸残基为 D 和 R 的分泌蛋白数量最多,平均分别为 23 和 18 个,而最强疏水性氨基酸残基为 A 和 L 的分泌蛋白量最多,平均分别为 37 和 47 个(图 3B、C)。

2.3 分泌蛋白保守结构域分析

对黄单胞菌中分泌蛋白开展保守结构域分析,结果显示:在 XCB100 中,蛋白 ID 为 WP_011035886.1、WP_011037118.1、WP_011037974.1、WP_011038629.1、WP_011039020.1、WP_012436993.1、WP_012438073.1、

WP_012438413.1、WP_012439258.1、WP_012439656.1、WP_014508988.1、WP_016944960.1 和 WP_040942357.1 共 13 个蛋白具有明显的保守结构域,占总数的 9.63%,同时,蛋白 ID 为 WP_011037926.1、WP_011038879.1、WP_011039016.1、WP_011270059.1、WP_012437014.1、WP_012437247.1、WP_012437258.1、WP_012437398.1、WP_012437449.1、WP_012437450.1、WP_012437612.1、WP_012437952.1、WP_012437992.1、WP_012438203.1、WP_012438695.1、WP_012438717.1、WP_012438813.1、WP_012439163.1 和 WP_012439607.1 共 19 个蛋白具有跨膜结构域,占总数的 14.07%(图 4A)。

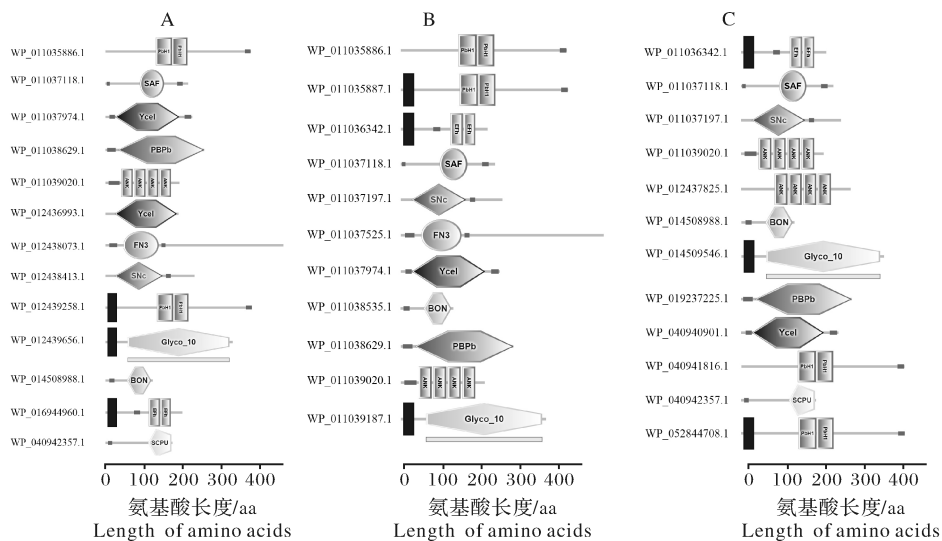
在 XC8004 中,蛋白 ID 为 WP_011035886.1、WP_011035887.1、WP_011036342.1、WP_011037118.1、WP_011037197.1、WP_011037525.1、WP_011037974.1、WP_011038535.1、WP_011038629.1、WP_011039020.1 和 WP_011039187.1 共 11 个蛋白具有明显的保守结构域,占总数的 8.59%,同时,15 个蛋白具有跨膜结构域,其 ID 分别为 WP_011035714.1、WP_011035929.1、WP_011036687.1、WP_011036707.1、WP_011037342.1、WP_011037617.1、WP_011037623.1、WP_011038205.1、WP_011038708.1、WP_011038879.1、WP_011039016.1、WP_011269491.1、WP_011269534.1、WP_011270059.1、WP_011270084.1,占总数的 11.72%(图 4B)。



A. 黄单胞菌中分泌蛋白氨基酸残基分布情况; B. 最强亲水性氨基酸残基分布情况; C. 最强疏水性氨基酸残基分布情况。A. The distribution of amino acid residues of secreted proteins in *Xanthomonas*; B. The distribution of the strongest hydrophilic amino acid residues; C. The distribution of the strongest hydrophobic amino acid residues.

图 3 黄单胞菌中分泌蛋白的氨基酸残基最强亲(疏)水性分布情况

Fig.3 Distribution of the strongest hydrophilic (hydrophobic) of amino acid residues of secretory proteins in *X. campestris*



A. XCB100; B. XC8004; C. XCCN14.

图 4 黄单胞菌中部分分泌蛋白保守结构域分析

Fig.4 The conservative domain of some secretory proteins in *X. campestris*

在 XCCN14 中,蛋白 ID 为 WP_011036342.1、WP_011037118.1、WP_011037197.1、WP_011039020.1、WP_012437825.1、WP_014508988.1、WP_014509546.1、WP_019237225.1、WP_040940901.1、WP_040941816.1、WP_040942357.1 和 WP_052844708.1 共 12 个蛋白具有明显的保守结构域,占总数的 8.89%;同时,22 个蛋白具有跨膜结构域,其 ID 分别为 WP_011036687.1、WP_011038879.1、WP_011039016.1、WP_011270059.1、WP_012437398.1、WP_012437450.1、WP_012437952.1、WP_012437992.1、WP_012438695.1、WP_014506100.1、WP_040940353.1、WP_040940532.1、WP_040940540.1、WP_040940551.1、WP_040940557.1、WP_040940705.1、WP_040940805.1、WP_040941246.1、WP_040941554.1、WP_043877915.1、WP_076054737.1、WP_108133933.1,占总数的 16.30%(图 4C)。

2.4 分泌蛋白转运肽分析

黄单胞杆菌 XCB100、XC8004、XCCN14 中分别有 135、128、135 个分泌蛋白定位于 S(信号肽):在 XCB100 中,有 32 个蛋白预测概率大于 0.8,约占总数的 23.70%;有 36 个分泌蛋白所处的概率在 0.6~0.8,约占总数的 26.67%;有 40 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.4~0.6,约占总数的 29.63%;有 27 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.2~0.4,约占总数的 20.00%。在 XC8004 中,有 29 个预测概率大于 0.8,约占总数的 22.66%;有 39 个分泌蛋白所处的概率在 0.6~0.8,约占总数的 30.47%;有 38 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.4~0.6,约占总数的 29.69%;有 22 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.2~0.4,约占总数的 17.19%。在 XCCN14 中,有 28 个分泌蛋白的预测概率大于 0.8,约占总数的 20.74%;有 38 个分泌蛋白所处的概率在 0.6~0.8,约占总数的 28.14%;有 43 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.4~0.6,约占总数的 31.85%;有 22 个分泌蛋白所处的预测概率在 0.2~0.4,约占总数的 19.26%(图 5)。

3 讨论

近年来,关于植物病原菌分泌蛋白和碳水化合物活性酶、效应分子等的研究已经成为植物病理学研究的重点和难点^[10]。植物病原菌全基因组序列的公布,为学术界深入开展上述病原菌致病基因的

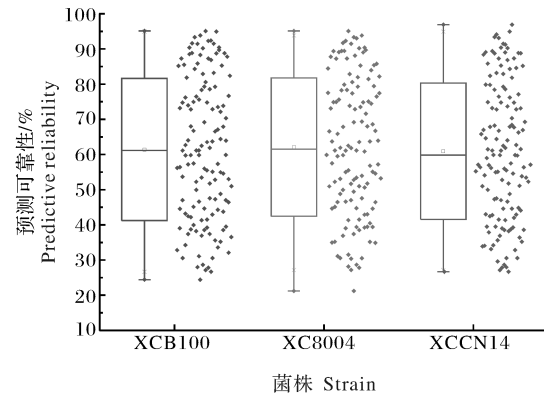


图 5 黄单胞菌分泌蛋白含有潜在转运肽的预测可靠性分析

Fig.5 Predictive reliability of some secretory protein in *X. campestris*

研究提供了重要的数据支撑。国内外学者对真菌^[18]、卵菌^[19]及枯草芽孢杆菌、细菌性黑斑病菌^[11]等病原菌分泌蛋白进行了大量的生物信息学分析,但尚缺乏对于植物病原菌中分泌蛋白理化性质及特征分析工作的研究。分泌蛋白的理化性质及特征关系着其功能的发挥,前人研究表明,病原菌在侵染植物的过程中分泌蛋白发挥着极其重要的作用,即植物病原真菌、卵菌以及细菌等不同物种之间,甚至在同一群体不同物种之间,以及同一物种不同种之间,所含有的分泌蛋白比例较为近似,这为未来学术界进一步开展不同物种、不同群体以及同一物种不同种之间分泌蛋白的功能共性和差异化研究提供了重要的参考。

本研究采用生物信息学分析软件对 3 个黄单胞菌 XCB100、XCCN14 和 XC8004 菌株中的分泌蛋白理化性质及特征进行了分析,3 种黄单胞菌中具有典型特征的分泌蛋白分别为 135、135、128,利用 ProtScale、SMART、TargetP 2.0 Server 等生物信息学分析软件对上述分泌蛋白展开理化性质、保守结构域以及转运肽等分析,初步明确了黄单胞菌分泌蛋白的理化性质及其特征。结果表明,3 种黄单胞菌中分泌蛋白理论等电点与氨基酸长度之间无相关关系,以碱性蛋白质、稳定蛋白质、亲水性蛋白质居多,平均 44.73% 的蛋白为不稳定蛋白,平均 83.21% 的蛋白总平均亲水性小于 0,属于亲水性蛋白,亲水性最强氨基酸残基以 D 和 R 居多,而疏水性最强氨基酸残基以 A 和 L 居多。同时,每个黄单胞菌的分泌蛋白中平均有 12 个具有明显的保守结构域,并且所有分泌蛋白具有信号肽,转运肽预测可能性分布

也较为平均,因此,推测上述具有不同保守结构域的分泌蛋白质在实现侵染后具有多样性的功能,这可能与培养和生存环境等因素有一定关系。

参考文献 References

- [1] 东秀珠,蔡妙英.常见细菌系统鉴定手册[M].北京:科学出版社,2001. DONG X Z, CAI M Y. Common bacterial system identification manual[M]. Beijing: Science Press, 2001 (in Chinese).
- [2] 邹俊,戎伟,李慧萍,等.野油菜黄单胞菌的 HpaA 基因功能[J].热带生物学报,2015(6):119-126. ZOU J, RONG W, LI H P, et al. Functions of gene *HpaA* in *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*[J]. Journal of tropical biology, 2015(6): 119-126 (in Chinese with English abstract).
- [3] 周晓韵.黄单胞菌 HarpinX 蛋白耐热机制的初步研究[D].海口:海南大学,2019. ZHOU X Y. Preliminary study on heat-resistant mechanism of HarpinX protein form *Xanthomonas*[D]. Haikou: Hainan University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [4] 张钰,林茂娟,李婷,等.转录调节因子 VrhR 负调控野油菜黄单胞菌的致病力[J].热带生物学报,2020(11):217-222,237. ZHANG Y, LIN M J, LI T, et al. The transcriptional regulator VrhR negatively regulates the virulence of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* [J]. Journal of tropical biology, 2020, 11: 217-222, 237 (in Chinese with English abstract).
- [5] 李雅君,李爱宁,孟繁凡,等. MarR 家族转录因子 HpaR 和 XC0449 协同调控野油菜黄单胞菌致病性[J].生物工程学报,2019,35(8):1500-1510. LI Y J, LI A N, MENG F F, et al. MarR family transcription regulator HpaR and XC0449 coordinately regulate the virulence of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*[J]. Chinese journal of biotechnology, 2019, 35(8): 1500-1510 (in Chinese with English abstract).
- [6] 易杰祥,景晓辉,吴伦英.黄单胞菌Ⅲ型分泌系统效应蛋白的研究进展[J].热带农业科学,2014,34(8):74-79. YI J X, JING X H, WU L Y. Research advances on *Xanthomonas* type III secretion system effectors[J]. Chinese journal of tropical agriculture, 2014, 34(8): 74-79 (in Chinese with English abstract).
- [7] 孙涛,徐宏蕾,周可鹏,等.黄原胶寡糖琥珀酸酯衍生物的制备及其对野油菜黄单胞菌的抑菌性能研究[J].食品工业科技,2015,36(12):91-94. SUN T, XU H L, ZHOU K P, et al. Preparation of succinyl xanthan oligosaccharides and its antibacterial activities against *Xanthomonas campestris* [J]. Science and technology of food industry, 2015, 36(12): 91-94 (in Chinese with English abstract).
- [8] 龙海,李一农,李芳荣,等.植物病原菌黄单胞菌的分类研究进展[J].植物保护,2010,36(5):11-16. LONG H, LI Y N, LI F R, et al. Advances in the taxonomy of phytopathogenic *Xanthomonas*[J]. Plant protection, 2010, 36(5): 11-16 (in Chinese with English abstract).
- [9] WILKINSON S W, MAGERØY M H, SÁNCHEZ A L, et al. Surviving in a hostile world: plant strategies to resist pests and diseases[J]. Annual review of phytopathology, 2019, 57(1): 505-529.
- [10] 韩长志,许僖.植物病原丝状真菌分泌蛋白及 CAZymes 的研究进展[J].南京林业大学学报(自然科学版),2017,41(5):152-160. HAN C Z, XU X. Advance in functional research of secreted protein and CAZymes in plant pathogenic filamentous fungus[J]. Journal of Nanjing Forestry University (natural sciences edition), 2017, 41(5): 152-160 (in Chinese with English abstract).
- [11] 祝友朋,刘宏莉,韩长志.基于全基因组序列的核桃细菌性黑斑病菌分泌蛋白的预测及特征分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2019,43(3):17-22. ZHU Y P, LIU H L, HAN C Z. Prediction of secretory protein in walnut bacterial black spot pathogen[J]. Journal of Nanjing Forestry University (natural sciences edition), 2019, 43(3): 17-22 (in Chinese with English abstract).
- [12] 陈继圣,郑士琴,郑武,等.全基因组预测稻瘟菌的分泌蛋白[J].中国农业科学,2006,39(12):2474-2482. CHEN J S, ZHENG S Q, ZHENG W, et al. Prediction for secreted proteins from *Magnaporthe grisea* genome[J]. Scientia agricultura sinica, 2006, 39(12): 2474-2482 (in Chinese with English abstract).
- [13] 周晓罡,侯思名,陈铎文,等.马铃薯晚疫病菌全基因组分泌蛋白的初步分析[J].遗传,2011,33(7):125-133. ZHOU X G, HOU S M, CHEN D W, et al. Genome-wide analysis of the secreted proteins of *Phytophthora infestans*[J]. Hereditas (Beijing), 2011, 33(7): 125-133 (in Chinese with English abstract).
- [14] 田李,陈捷胤,陈相永,等.大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae* VdLs.17)分泌组预测及分析[J].中国农业科学,2011,44(15):3142-3153. TIAN L, CHEN J Y, CHEN X Y, et al. Prediction and analysis of *Verticillium dahliae* VdLs.17 secretome [J]. Scientia agricultura sinica, 2011, 44(15): 3142-3153 (in Chinese with English abstract).
- [15] WILKINS M R, GASTEIGER E, BAIROCH A, et al. Protein identification and analysis tools on the ExpASY server [J]. Methods Mol Biol, 1999, 112: 531-552.
- [16] LETUNIC I, BORK P. 20 years of the SMART protein domain annotation resource [J]. Nucleic Acids Res, 2018, 46 (D1): D493-D496.
- [17] 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.
- [18] 祝友朋,蔡旺芸,韩长志.基于全基因组序列的尖孢镰刀菌分泌蛋白预测及其特征分析[J].河南师范大学学报(自然科学版),2019,47(2):92-97. ZHU Y P, CAI W Y, HAN C Z. Prediction of secreted of *Fusarium oxysporum* based on whole genome sequence[J]. Journal of Henan Normal University (natural science edition), 2019, 47(2): 92-97 (in Chinese with English abstract).
- [19] 刘长令,李继德.卵菌纲病害用杀菌剂的开发进展[J].农药,

2000,39(8):1-3. LIU C L,LI J D. Recent advances on the development of fungicides used for control of oomycete diseases

[J]. Pesticides,2000,39(8):1-3 (in Chinese with English abstract).

Analyzing physicochemical properties and characteristics of *Xanthomonas campestris* secretory protein

QIN Yue,ZHU Youpeng,HAN Changzhi

Yunnan Province Key Laboratory of Forest Disaster Warning and Control,
College of Biodiversity Conservation, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China

Abstract *Xanthomonas campestris* belong to Gram-negative bacteria, which mainly damage cruciferous vegetables and economic forests including walnuts and mangosteens, causing great economic losses to agricultural and forestry crops and seriously harming the healthy development of the agricultural and forestry industry. Secreted proteins play an important role in the pathogenic process of plant pathogenic fungi, bacteria, and oomycetes. There is no reports on the physicochemical properties and characteristics of secretory proteins of *Xanthomonas*. This study uses the secretory protein sequences of *X. campestris* B100, *X. campestris* pv. *campestris* str.8004, and *X. campestris* CN14 from the published genome-wide sequence as the basic data, and uses ProtScale, SMART, TargetP 2.0 Server, and other bioinformatics software to analyze the physicochemical properties, conserved domains, and transit peptides of the secretory proteins above-mentioned. The results showed that there was no obvious rule between the theoretical isoelectric point of secretory proteins and the length of amino acids in *X. campestris*. An average 44.73% of the protein is unstable protein. An average of 83.21% of the protein has a total average hydrophilicity of less than 0, which is a hydrophilic protein. The number of proteins with obvious conserved domains in each secretory protein of *Xanthomonas* is 12 on average. All secretory proteins have signal peptides. The distribution of transit peptide prediction possibilities is relatively even.

Keywords *Xanthomonas*; secretory protein; physicochemical properties; bioinformatics; pathogen; subcellular localization; transit peptide

(责任编辑:张志钰)