

“农业健康与生态”大数据整合生物学学术研讨会

Integrative Biology Workshop on “Agriculture, Health and Ecology”

会议手册 论文集 Proceedings

主办单位

内蒙古民族大学

浙江省生物信息学学会

会议承办

内蒙古民族大学生命科学与食品学院、农学院、动物科学技术学院、
医学院、蒙医药学院、纳米创新研究院、青年学者创新联盟

协办与支持

浙江大学生命科学学院、内蒙古民族大学生态文明与绿色发展研究院、
内蒙古民族大学附属医院、江苏省现代作物生产协同创新中心、
内蒙古大学生命科学学院、内蒙古农业大学生命科学学院、
内蒙古农业大学食品科学与工程学院、内蒙古师范大学生命科学与技术学院、
内蒙古科技大学生命科学与技术学院、内蒙古医科大学基础医学院

2020年8月7-10日

内蒙古·通辽

会议介绍

一、会议目的

为了进一步繁荣我国南北学术交流，推进交流合作，讨论全面建成小康社会的重大需求，促进大农业大健康生态文明可持续发展，内蒙古民族大学携手浙江省生物信息学学会，并联合自治区院校及其他科研单位，拟于2020年8月7-10日在通辽召开“农业健康与生态”大数据整合生物学学术研讨会，欢迎您参加。会议采用线上线下混合方式进行。

二、会议内容

会议就“大农业大健康生态文明发展”，交流整合生物学研究方法、技术与应用的新进展；交流整合生物学数据资源平台建设、管理方面的经验；加强科学研究、学术培养、数据应用方面的合作。会议议题涉及：草原优质基因蛋白资源的发掘；蒙医药生物资源及分子机理研究；草原动植物组学数据的挖掘与整合；最新高通量测序技术与数据分析；比较组学与分子进化；组学大数据的计算问题；基于生物信息学的分子诊断与精准医学；生物信息学与草原生物种群研究；生物资源的收集、保存和发掘利用；系统生物学相关研究进展；生物大数据存储与可视化等方向。

三、会议组织

会议主席：陈永胜、赵东海、陈铭

组织委员会：裴志利、张继星、李前忠、李宏、王潇、李国婧、付和平、董同力嘎、红雨、蔡禄、肖瑞、张文广、吴玉峰

地方组织委员会：田迅、杨景峰、李志刚、魏成喜、张苏雅拉吐、拉喜那木吉拉、刘景海、巴图德力根、冀照君、高凯、牛化欣、付明海

会议秘书：尚丹、陈宇杰、沈小仙

四、会议单位

会议主办：内蒙古民族大学、浙江省生物信息学学会

承办、协办与支持单位：内蒙古民族大学生命科学与食品学院、农学院、动物科学技术学院、医学院、蒙医药学院、纳米创新研究院、青年学者创新联盟，浙江大学生命科学院、内蒙古民族大学生态文明与绿色发展研究院、附属医院、江苏省现代作物生产协同创新中心、内蒙古大学生命科学学院、内蒙古农业大学生命科学学院、内蒙古农业大学食品科学与工程学院、内蒙古师范大学生命科学与技术学院、内蒙古科技大学生命科学与技术学院、内蒙古医科大学医学院

“农业健康与生态”大数据整合生物学学术研讨会			
会议日程			
时间		内容	地点
8月7日全天		报到	通辽市荣达宾馆大堂
8月8日 7:30-8:15			民大北区实验楼门厅
上午	8:15-8:30	开幕式 内蒙古民族大学校领导、陈温福院士及嘉宾致辞	北区实验楼报告厅 主持人:裴志利 教授
	8:30-8:40	报告人:杨恒山,内蒙古民族大学 报告题目:西辽河平原玉米高产高效栽培研究的十年探索	
	8:40-8:50	报告人:李志刚,内蒙古民族大学 报告题目:杂交大豆规模化制种关键技术研究与应用	
	8:50-9:00	报告人:黄凤兰,内蒙古民族大学 报告题目:蓖麻分子育种研究进展	
	9:00-9:30	集体合影 & 茶歇	北区明安图楼门外阶梯
	9:30-10:00	报告人:张树义,沈阳农业大学畜牧兽医学院 报告题目:从新发传染病看人与动物的相处之道	北区实验楼报告厅 主持人: 田迅 教授 赵宏林 教授
	10:00-10:30	报告人:董同力嘎,内蒙古农业大学食品科学与工程学院 报告题目:具有自发气调功能的环境友好包装材料的制备及其食品保鲜应用	
	10:30-11:00	报告人:苏建忠,温州医科大学生物医学大数据研究所 报告题目:单细胞转录谱功能注释在精准医疗的应用研究	
	11:00-11:30	报告人:特格喜白音,内蒙古国际蒙医医院 报告题目:蒙药珍珠粉对神经损伤的保护机制研究	
	11:30-12:00	报告人:李旻辉,内蒙古中医药研究所 报告题目:中药资源大数据的应用与展望-以内蒙古地区研究为例	
中午	12:00-13:30	午餐(自助)	

8月8日下午分会交流(20分钟/报告人)
2020年“草地农业与生态”学术研讨会(农学院承办)

时间	内容	地点
下午	14:30-14:50 报告人:田迅,内蒙古民族大学 报告题目:少花蒺藜草入侵适应研究	北区实验楼报告厅 主持人: 高凯 教授 王晓宇 副教授
	14:50-15:10 报告人:包金花,内蒙古民族大学 报告题目:通辽市蒙中药材种植现状与发展思考	
	15:10-15:30 报告人:徐寿军,内蒙古民族大学 不同氮素水平下大麦谷氨酰胺合成酶基因(HvGS1)表达及其与籽粒氮素积累的关系	
	15:30-15:50 报告人:张继星,内蒙古民族大学 报告题目:蓖麻耐盐分子机制的研究	
	15:50-16:10 茶歇	
	16:10-16:30 报告人:冯超,中国科学院华南植物园 报告题目:全基因组测序揭示喀斯特植物适应性进化机制	北区实验楼报告厅 主持人: 张继星 教授 石凯 教授
	16:30-16:50 报告人:张玉霞,内蒙古民族大学 报告题目:秋季播种和末次刈割时期调控科尔沁沙地苜蓿越冬的生理生态机制	
	16:50-17:10 报告人:周亚星,内蒙古民族大学 报告题目:高粱种子代谢组学研究	
	17:10-17:30 报告人:兴安,内蒙古民族大学 报告题目:内蒙古草甸草原东北鼯鼠与栖息地环境因子之间关系的研究	
	17:30-17:50 报告人:陈迪俊,南京大学生命科学学院 报告题目:植物表型组整合分析平台构建与大数据分析	
	18:00-19:30 晚餐(自助)	荣达宾馆自助餐厅

2020年“动物健康与发展”学术研讨会(动科院承办)

时间		内容	地点
下午	14:30-14:50	报告人:左永春,内蒙古大学 报告题目:生物信息学在解析哺乳动物胚胎基因组激活先锋因子中的应用	蒙古包报告厅 主持人: 杨景峰 教授 张文广 教授
	14:50-15:10	报告人:陈永福,内蒙古农业大学 报告题目:酸马奶微生物多样性及其功能特性	
	15:10-15:30	报告人:牛化欣,内蒙古民族大学 报告题目:瘤胃微生物与反刍动物生产、健康	
	15:30-15:50	报告人:郑毅,吉林大学 报告题目:大鼠松果体内昼夜差异表达 circRNA 与 miRNA 的鉴定与功能分析	
	15:50-16:10	茶歇	
	16:10-16:30	报告人:董武,内蒙古民族大学 报告题目:残留四环素类抗生素对斑马鱼的影响	蒙古包报告厅 主持人: 牛化欣 教授 杜立银 教授
	16:30-16:50	报告人:吴江鸿,内蒙古民族大学 报告题目:饲喂系统影响绵羊肉质的分子机制初探	
	16:50-17:10	报告人:勾长龙,内蒙古民族大学 报告题目:金霉素对牛粪堆肥过程中抗生素抗性基因和细菌群落的影响	
	17:10-17:30	报告人:孙树民,内蒙古民族大学 报告题目:猪囊虫病候选诊断标识的筛选与表达	
	17:30-17:45	报告人:王彦博,内蒙古民族大学 报告题目:Prmt5在生殖细胞发育过程中的作用	
	17:45-18:00	报告人:王皓琪,吉林大学 报告题目:GnRH处理前后大鼠腺垂体差异表达非编码RNA的鉴定及其对促卵泡素合成与分泌的潜在调控作用分析	
	18:00-19:30	晚餐(自助)	荣达宾馆自助餐厅

2020年“蒙医药与健康”学术研讨会(蒙医药学院、医学院承办)

时间	内容	地点
下午	14:30-14:50 报告人:李前忠,内蒙古大学 报告题目:乳腺癌与肝癌相关的重要基因及其组蛋白修饰	北区蒙药楼9楼会议室 主持人: 戈宏焱 教授 财吉拉胡 教授
	14:50-15:10 报告人:白海花,内蒙古民族大学 报告题目:药物基因组与个性化医疗	
	15:10-15:30 报告人:包特日格乐,内蒙古民族大学 报告题目:蒙药肋柱花对高脂高能量诱导肥胖大鼠的胃肠功能调节与减肥作用研究	
	15:30-15:50 报告人:吉日木巴图,内蒙古医科大学 报告题目:基于FXR通路的地格达八味散退黄作用机制研究	
	15:50-16:10 茶歇	
	16:10-16:30 报告人:周猛,温州医科大学 报告题目:Identification and clinical significance of immune infiltration-associated lncRNAs in the tumor microenvironment	北区蒙药楼9楼会议室 主持人: 拉喜那木吉拉 教授 冀照君 教授
	16:30-16:50 报告人:杨德志,内蒙古国际蒙医学院 报告题目:SARS-CoV-2替代检测方法及口服疫苗的研制	
	16:50-17:10 报告人:财吉拉胡,内蒙古民族大学 报告题目:生态环境、行为健康与蒙医药	
	17:10-17:30 报告人:曹乌吉斯古楞,内蒙古民族大学 报告题目:基于民族植物学研究的蒙药资源开发利用	
	17:30-17:45 报告人:马茜茜,内蒙古民族大学 报告题目:朝药肝炎草化学成分对脂质积蓄的影响	
	17:45-18:00 报告人:甄东,内蒙古民族大学 报告题目:蒙药苏格木勒-3汤心肌保护作用机制研究	
	18:00-19:30 晚餐(自助)	

8月9日上午青年学者论坛(20分钟/报告人)

2020年“科尔沁青年学者”论坛(青年学者联盟、纳米创新研究院承办)

时间		内容	地点
上午	8:30-8:50	报告人:塔娜,澳大利亚昆士兰科技大学 报告题目:Selective catalytic conversion of lignocellulosic bio-mass components to chemicals	北区蒙古包 主持人: 张苏雅拉吐 教授 付明海 副教授
	8:50-9:10	报告人:贾俊英,内蒙古民族大学 报告题目:构建中药农业的生态格局,促进蒙中药材可持续发展	
	9:10-9:30	报告人:侯美玲,内蒙古民族大学 报告题目:草甸草原乳酸菌多样性及其青贮品质研究	
	9:30-9:50	报告人:冀照君,内蒙古民族大学 报告题目:长期恶劣环境导致根瘤菌结瘤固氮能力下降研究	
	9:50-10:10	报告人:哈日巴拉,内蒙古综合疾病预防控制中心 报告题目:内蒙古地区铀矿周围环境放射性水平监测与讨论	
	10:10-10:30	茶歇	
	10:30-10:50	报告人:张春阳,中山大学附属第一医院 报告题目:Menthol/IR780诊疗一体化纳米制剂在多重影像引导下光热治疗对肿瘤消融的增强作用	北区蒙古包 主持人: 刘景海 教授 海文峰,研究员
	10:50-11:10	报告人:马立娜,中国科学院长春应用化学研究所 报告题目:聚多巴胺复合材料在生物医学中的应用	
	11:10-11:30	报告人:江丹丹,内蒙古民族大学 报告题目:功能化磁性纳米材料的制备及其在磷酸化肽分析中的应用	
	11:30-11:50	报告人:刘雨双,内蒙古民族大学 报告题目:利用电子生物传感器解析DNA甲基化	
中午	12:00-13:30	午餐(自助)	荣达宾馆自助餐厅

8月9日上午生物信息学教学研讨会(另行通知)

8月9日下午(参加暑期班专家云讲座)

浙江大学、浙江省生物信息学学会举办

时间	内容	地点
下午	14:30–15:00 报告人: Yuriy Orlov, Novosibirsk State University, Russia 报告题目: Gene expression regulation analysis based on 3D genomics data and next-gen sequencing	主持人: 陈铭 教授
	15:00–15:30 报告人: Dijun Chen, Nanjing University, China 报告题目: ChIP–Hub: an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome	
	15:30–16:00 报告人: Li Jiang, Helmholtz Zentrum München / LMU, Germany 报告题目: Prediction of Adipose Browning Capacity by Systematic Integration of Transcriptional Profiles	
	16:00–16:30 茶歇	
	16:30–16:50 报告人: Bjoern Sommer, Royal College of Art, UK 报告题目: Membrane and Vesicle Modelling and Simulation with the MembraneEditor	主持人: Yuriy Orlov 教授
	16:50–17:10 报告人: Nurul ‘Ayn Ahmad Sayuti, Royal College of Art, UK 报告题目: The Incorporation of Biological Materials into Product Designs	
	17:10–17:30 报告人: Ranajit Das, Yenepoya University, India 报告题目: Unravelling the likely association between individuals’ ancestral make-up and the severity of COVID–19 manifestations	
	17:30–18:00 报告人: Alexandre Paschoal, Federal University of Technology – Paraná, Brazil 报告题目: Data Science in Biological Data: bioinformatics application	
	18:00–19:30 会议闭幕, 晚餐(自助)	荣达宾馆自助餐厅

8月10日 生态环境考察、自由交流

“农业健康与生态”大数据整合生物学

学术研讨会

会议论文摘要

目 录

西辽河平原玉米高产高效栽培研究的十年探索	李锐,杨恒山,邵继成,张瑞富(1)
杂交大豆规模化制种关键技术研究与应用	李志刚(2)
单细胞转录谱功能注释在精准医疗的应用研究	苏建忠(4)
通辽市蒙(中)药材种植存在的问题及发展建议	包金花(5)
不同氮素水平下大麦谷氨酰胺合成酶基因(HvGS1)表达及其与籽粒氮素积累的关系	徐寿军(6)
Bioinformatics and Expression Analysis of R2R3-MYB Gene family In castor (<i>Ricinus communis</i> L.)	ZHANG Jixing, WANG Xiaoyu, DUAN Qiong, LIU Xuming(7)
全基因组测序揭示喀斯特植物适应性进化机制	冯超,康明(8)
高粱种子代谢组学研究	周亚星(9)
Study on relationship between Transbaikial zokor (<i>Myospalax psilurus</i>) and habitat environmental factors in meadow steppe of Inner Mongolia	XING AN(10)
植物表型组整合分析平台构建与大数据分析	陈迪俊(11)
生物信息学在解析哺乳动物胚胎基因组激活先锋因子中的应用	左永春(12)
瘤胃微生物功能及其营养调控	牛化欣(14)
大鼠松果体内昼夜差异表达 circRNA 与 miRNA 的鉴定与功能分析	郑毅(15)
饲喂系统影响绵羊肉质的分子机制初探	吴江鸿(16)
金霉素对牛粪堆肥过程中抗生素抗性基因和菌群结构的影响	勾长龙(17)
猪囊虫病候选诊断标识筛选及检测方法的建立	孙树民(18)
Prmt5 在生殖细胞发育过程中的作用	王彦博(19)
GnRH 处理前后大鼠腺垂体差异表达非编码 RNA 的鉴定及其对促卵泡素合成与分泌的潜在调控作用分析	王皓琪,袁宝,张嘉保(20)
蒙药肋柱花对高脂高能量诱导肥胖大鼠的减肥作用及胃肠调节作用研究	包特日格乐(21)
基于 FXR 通路的地格达八味散退黄作用机制研究	吉日木巴图(22)
Identification and clinical significance of immune infiltration-associated lncRNAs in the tumor microenvironment	周猛(23)
生态环境、行为健康与蒙医药学	财吉拉胡(24)
基于民族植物学研究的蒙药资源开发利用	曹乌吉斯古楞(25)
Selective catalytic conversion of lignocellulosic biomass components to chemicals	塔娜(26)
草甸草原乳酸菌多样性及其青贮品质研究	侯美玲(27)
长期恶劣环境导致根瘤菌结瘤固氮能力下降研究	冀照君,陈宇杰,王晓宇,穆沙茉莉,张波,袁晓霞,陈文峰(28)

Menthol/IR-780 诊疗一体化纳米制剂在多重影像引导下光热治疗对肿瘤消融的增强作用	张春阳(29)
基于聚多巴胺传感器的构建及其在生物分析中的应用	马立娜(30)
功能化磁性纳米材料的制备及其在磷酸化肽分析中的应用	江丹丹(31)
利用电子生物传感器解析 DNA 甲基化	刘雨双(32)
ChIP-Hub: an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome	
Liang-Yu Fu, Zhigui Wu, Peijing Zhang, Ming Chen, Kerstin Kaufmann and Dijun Chen	(33)
Prediction of Adipose Browning Capacity by Systematic Integration of Transcriptional Profiles	Jiang Li(34)
Membrane and Vesicle Modelling and Simulation with the MembraneEditor	Bjorn Sommer(35)
The Incorporation of Biological Materials into Product Designs	
Nurul ‘Ayn Ahmad Sayuti, Bjorn Sommer, Saeema Ahmed-Kristensen	(37)
Unravelling the likely association between individuals’ ancestral make-up and the severity of COVID-19 manifestations	Ranajit Das(38)
Data Science in Biological Data: bioinformatics application	Alexandre_Paschoal_Maior(39)
基因组序列重复度定量和重复片段从头检测	冯聪,戴敏,刘永晶,陈铭(40)
一种基于卷积神经网络的新型蛋白质-蛋白质互作预测工具	胡晓天,陈铭(41)
中间锦鸡儿毛状根遗传转化体系的建立及条件的优化	杨闯,万永青,李国婧,王瑞刚(42)
蒙药森登-4 汤对膝关节骨性关节炎家兔的软骨组织中 II 型胶原 mRNA 的影响	金刚,吉白格力玛,赵巴根那,包海金,徐艳华,额希宝力道(43)
Effect of Mongolian medicine Senden-4 Decoction on Type II Collagen mRNA in cartilage tissue of rabbits with knee osteoarthritis	
Jin Gang, J.Baigalmaa, bagenna ZHAO, haijin BAO, Yanhua XU, J.Baigalmaa, Sh.Bold	(44)
拟南芥 WRKY11 的功能探究和生物信息学分析	白明珠,万永青,李国婧,王瑞刚(48)
基于转录组分析鉴定与蓖麻株高相关的差异基因	段强,闫星伊,赵秀平,王双,张帅(49)
蓖麻 RcLEA 基因克隆与序列分析	段琼,刘栩铭,张洪雨,孟迪,张继星,王晓宇(50)
高、矮秆蓖麻转录组分析及 RcBKI1 和 RcGASA9 基因的功能研究	风兰,李国瑞,何志彪,闫星伊,黄凤兰,狄建军,陈永胜(51)
蓖麻氯离子通道蛋白基因 RcCLC 的克隆与序列分析	刘栩铭,段琼,张洪雨,孟迪,张继星,王晓宇(52)
蓖麻生长素响应因子原核表达载体构建及功能分析	王双,闫星伊,赵秀平,段强,张帅(53)
蓖麻种子萌发期抗旱相关基因的筛选及功能鉴定	温琦(54)
利用转录组技术挖掘蓖麻中除草剂解毒相关基因	闫星伊,王双,赵秀平,段强,张帅(55)
蓖麻抗重金属镉(Cd)相关基因的功能鉴定	赵慧博,赵永,温琦,梁啸天,尹明达,文艳鹏(56)
蓖麻下胚轴再生体系的建立	赵秀平(57)
蓖麻茎秆花青素合成相关 MYB 转录因子的筛选与功能鉴定	韩雯毓(58)
科尔沁地区传统发酵乳制品乳酸菌生物多样性研究	韩慧玲,赵家齐,冀照君(59)

西辽河平原玉米高产高效栽培研究的十年探索

李锐,杨恒山*,邵继成,张瑞富

(内蒙古民族大学农学院,内蒙古 通辽)

摘要:以“西辽河平原玉米高产高效栽培研究的十年探索”为题,介绍内蒙古民族大学玉米团队人员结构、承担科研项目及人才培养情况。重点介绍主要研究方向及成效,主要研究方向包括玉米高产超高产栽培、磷肥减量下移高效利用、宽行轻简种植模式、秸秆还田效应研究和浅埋滴灌水肥一体化技术研究。取得的主要成效:获国家自然科学基金4项、国家重点研究计划课题1项、子课题2项、国家科技支撑计划子课题3项、省部级项目15项,在《中国农业科学》《作物学报》等核心期刊发表论文70余篇;获全国农牧渔业丰收一等奖1项,获自治区科技进步一等奖、三等奖各1项,获自治区农牧业丰收一、二、三等奖各1项;制定地方标准1项,获发明专利1项、实用新型专利3项;出版专著3部、水肥一体化技术挂图3部;培养博士研究生3名、硕士研究生27名。团队下一步工作重点,将主要从玉米高产高效绿色生产、秸秆还田下土壤C、N排放研究、浅埋滴灌下土壤次生盐渍化研究和米豆轮作(带状复合种植)等方向进一步研究。

关键词:浅埋滴灌;施氮水平;春玉米;温室气体

杂交大豆规模化制种关键技术研究与应用

李志刚

(内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽)

摘要:大豆是世界上贸易量最大的农产品,我国大豆消费大量依靠进口,对外依存度非常高。2017年我国大豆消费量超过11000万吨,而产量仅为1500万吨左右,进口量高达9600万吨(进口量占消费量比例达85%左右)。2019年中美贸易战中,中国宣布对美国约500亿美元的商品征税,第一和第二项都是大豆,在媒体关于中美贸易战的报道中,大豆也被提到了显要位置。内蒙古大豆生产面积居全国第2位、产量居第3位,在我国大豆产业占重要位置。

一、组建研究团队、对接杂交大豆世界一流群体

2017年成立了内蒙古民族大学大豆研究所,聘请国家重大基础研究项目主持人为我校客座教授。聘请吉林省农业科学研究院研究员为我校硕士研究生导师。

二、开展多点布局、探索杂交大豆产量突破要点

通辽地区具有杂交大豆育种所需要的生态环境多样化、天然授粉昆虫多、大豆花期降雨量少、井灌条件及时满足植物生长需要的优势。

2017年,在莫力庙100亩、民大农业园区30亩、大兴屯15亩、平安堡村5亩;2018年,在科区农业局基地30亩、民大农业园区15亩、高林屯15亩;2019年,在民大农业园区18亩、高林屯8亩、后双井子村5亩、左中前玛尼吐苜蓿套种30亩;进行了杂交大豆多点制种试验。设计了套种荞麦、兼种苜蓿、散播草木犀等蜜源植物引诱授粉昆虫试验;对不同时间、不同环境的田间昆虫进行观察和分类,研究昆虫生活习性和活动规律;观察和测量不同异交率大豆的花瓣大小、柱头外露情况、激素种类和含量、泌蜜量;研究了不育系与保持系的生长差异、源库关系、代谢基因组差异。

三、注重人才培养、夯实杂交大豆研究基础理论

项目进行的3年时间内,培养杂交大豆研究方向研究生11名,其中5名硕士研究生获得硕士学位,3名硕士研究生将于2020年毕业,还有3名研究生正在进行杂交大豆方向研究工作。目前制定大豆生产技术规程4项、送审大豆品种4个、发表文章11篇、出版专著1部、获得专利1项、培训农民60人。整理和收集大豆种质资源,现在已有大豆种质资源600余份。

四、主要研究成果

1、大豆制种产量获得突破。2019年9月24日内蒙古民族大学邀请辽宁省农科院、沈阳农业大学、内蒙古农牧科学院、通辽市农科院和通辽市厚德种业等专家,对内蒙古自治区通辽市科尔沁区高林种畜场的杂交组合CMS197J306的制种田进行了测产,该制种田周边种植紫花苜蓿和黄花草木蜜源植物,以吸引和培养野生传粉昆虫为杂交大豆传粉。田块面积8亩,父母本1:2种植,同期播种垄距0.60米,密度14万株/公顷。专家组测定该杂交组合制种产量为1117公斤/亩,产量创造杂交大豆高产纪录。

2、为研究细胞质雄性不育的机理机制,以细胞质雄性不育系JLCMS116A及其同型保持系JLCMS116B为供试材料,对两者间碳水化合物、可溶性蛋白、内源激素和差异转录组进行分析研究。

3、以高、中、低异交率的大豆不育系及其同型保持系为材料,研究不同时期叶片中可溶性蛋白、淀粉、可溶性糖、丙二醛(MDA)、叶绿素a+b、类胡萝卜素、细胞分裂素、脱落酸、赤霉素、乙烯、生长素含量以及大豆3个衰老基因GMSARK、GMSGR1和GMCYN1相对表达量。

4、为探寻影响大豆不育系结实率的因素,以异交结实率高(A1)、中(A2)、低(A3)的3个不育系为试验材料,以对应的3个同型保持系为对照,研究大豆的花器官形态结构、激素含量以及不育系花瓣成分等次生物质含量与不育系结实率的关系,并通过各性状与不育系单株荚数的相关分析与通径分析,确定不育系单株结荚数的主要影响因素。

5、对通辽市大豆田常见传粉昆虫6个目的类群进行多样性研究。结果表明:大豆田传粉昆虫有23科42属61种,其中膜翅目6科11属22种,双翅目6科9属12种,鞘翅目5科12属16种,鳞翅目3科3属3种,半翅目1科3属4种,缨翅目2科4属4种。

6、对不同大豆品种的耐盐碱能力进行综合评价,进一步对耐盐碱和盐碱敏感大豆品种进行转录组分析,采用水培方法,用60 mmol/L混合盐溶液,对18份大豆品种进行盐碱胁迫。对株高、茎粗、叶面积、主根长、地上干重、净光合速率(Pn)、胞间CO₂浓度(Ci)、蒸腾速率(Tr)和气孔导度(Gs)等指标进行测定,通过主成分分析法和模糊数学隶属函数法对18份大豆品种进行耐盐碱性综合评价。

单细胞转录谱功能注释在精准医疗的应用研究

苏建忠

(温州医科大学生物医学大数据研究所, 浙江 温州)

摘要:单细胞转录组测序技术可以从单个细胞的水平分析细胞间的异质性,研究肿瘤微环境,寻找癌细胞的起源等,在传统分析流程中对细胞分群进行功能性解释一直是单细胞转录组解析的一大挑战。我们开发对单细胞进行转录组通路功能解析的在线系统 scTPA,提供单细胞转录组数据预处理,功能打分,聚类 and 可视化显著激活通路等的系统研究。并应用到视网膜母细胞瘤和脑癌中来挖掘癌细胞的起源。

通辽市蒙(中)药材种植存在的问题及发展建议

包金花

(内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽)

摘要:通辽作为“中国蒙医药之都”,是我国乃至国际蒙医药的重要发源地,具有悠久的蒙中药材种植生产历史、国内最大蒙药材种植基地在通辽。近几年,随着种植面积不断增加,蒙农学院中药材种植中存在着诸多问题,主要表现在药材种植品种混乱、盲目性种植、技术人员缺乏、质量降低等。在分析通辽市药材种植的优势及存在问题的基础上,提出解决对策。

不同氮素水平下大麦谷氨酰胺合成酶基因(HvGS1)表达及其与籽粒氮素积累的关系

徐寿军

(内蒙古民族大学, 内蒙古 通辽)

摘要:为了探讨大麦叶片谷氨酰胺合成酶基因(*Hordeum vulgare* L. cv Golden Promise, Glutamine synthetase, HvGS1)表达对氮肥水平的响应及对籽粒氮素积累的影响,以蒙啤1号、蒙啤3号、甘啤4号和垦啤7号4个大麦品种为试材,设置0(CK)、90(NL)、180(NM)和270(NH) kg hm⁻² 4个纯氮处理,分析灌浆期间不同供氮水平下大麦叶片HvGS1相对表达量的变化及其与籽粒氮积累的相关性。结果表明,随着施氮水平的增加,HvGS1相对表达量上调;在灌浆期间,HvGS1相对表达量与供氮水平和氮含量均呈极显著正相关关系;随着灌浆进程,HvGS1相对表达量呈逐渐升高的趋势,一直到花后28 d叶片开始衰老时仍维持较高的表达水平;成熟期籽粒氮含量与灌浆时期叶片HvGS1相对表达量呈极显著正相关关系,通径分析结果显示,对成熟期籽粒氮含量影响最大的是花后28 d HvGS1表达水平,其直接通径系数为0.4906。说明HvGS1表达与供氮水平、氮含量均呈极显著正相关关系,与籽粒氮素积累关系密切。

Bioinformatics and Expression Analysis of R2R3-MYB Gene family In castor (*Ricinus communis* L.)

ZHANG Jixing, WANG Xiaoyu, DUAN Qiong, LIU Xuming

¹ College of Life Science, Inner Mongolia University for the Nationalities, Tongliao, 028000; ² Horqin Plant Stress Biology Research Institute of Inner Mongolia University for Nationalities, Tongliao, 028000; ³ Inner Mongolia Key Laboratory of Castor Breeding, Tongliao, 028000; ⁴ Inner Mongolia Collaborative Innovation Cultivate Center for Castor, Tongliao, 028000; ⁵ Inner Mongolia Industrial Engineering Research Center of Universities for Castor, Tongliao, 028000

Abstract: MYB transcription factors are the largest family of transcription factors in plants. R2R3-MYB, the main members of MYB, play important roles in plant growth and development. In order to explore the function of R2R3-MYB genes and dig salt tolerance genes in castor, 58 R2R3-MYB genes in castor genome database were identified by bioinformatics method, We analyzed their encoded protein basic characteristics and phylogenetic evolution. The results showed that the ORF sequence length of RcR2R3-MYB ranged from 384bp to 3195bp, and the pI value ranged from 4.69 to 10.2, most of which were instable proteins. The results of secondary structure analysis showed that RcR2R3-MYB proteins had the highest proportion of random coils, no signal peptide, and subcellular localization showed that most RcR2R3-MYB proteins were located in the nucleus. It contains two SANT structural domains peculiar to MYB family. Phylogenetic tree analysis showed that 38 RcR2R3-MYB transcription factors were classified into 15 subgroups, and the remaining 20 RcR2R3-MYB transcription factors were not classified into the classification group. The expression analysis of RcR2R3-MYB1, 5, 23, 28 and 46 by qRT-PCR in different tissues under salt stress showed that salt stress induced the expression of 4 members except RcR2R3-MYB28 in root, inhibited the expression of 4 members except RcR2R3-MYB23 in stem and 4 members except RcR2R3-MYB1 in leaf. This study provides a theoretical basis for further exploring the functions of the R2R3-MYB family in castor.

Keywords: *Ricinus communis* L., R2R3-MYB, Bioinformatics analysis, Expression analysis

全基因组测序揭示喀斯特植物适应性进化机制

冯超^{1,2}, 康明^{1,2,*}

(1 中国科学院华南植物园, 中国科学院植物资源保护与可持续利用重点实验室, 广州 510650;

2 核心植物园保护生物学学科, 广州 510650)

摘要:中国南方喀斯特起源古老、分布广泛。该地区气候温和、水分充足,广泛分布的峰林、峰丛、溶洞、天坑等复杂的地貌形态形成独特的岛屿化生境。经过漫长的演化,华南喀斯特地区孕育了高度的物种多样性和特有性。喀斯特植物是我国植物多样性和特有性的重要组成部分,但迄今为止对喀斯特植物的多样性起源和适应性进化的理解还非常缺乏。全基因组复制(WGD)被认为是物种分化和适应性进化的重要驱动,但被子植物中特定的基因组复制事件在物种多样性形成及适应性进化过程所起的作用并不清楚。

本研究完成了首个喀斯特植物怀集报春苣苔的全基因组测序。在此基础上发现该物种在经历了双子叶植物共有的 γ 基因组复制事件后,又经历了至少两次近期的全基因组复制事件,其中最近一次基因组复制事件为长蒴苣苔亚族植物所共有,发生在大约20.6–24.2百万年前(中新世早期)。推测认为最近一次基因组复制事件可能促进了长蒴苣苔亚族早期的物种快速分化,并导致了大量基因的滞留。进一步富集分析发现全基因组复制导致怀集报春苣苔基因组一些与喀斯特特殊生境相关的基因家族的显著扩张,如WRKY转录因子显著扩张可能有助于怀集报春苣苔适应喀斯特洞穴高盐缺水的特殊生境。

关键词:染色体级别基因组;差异基因滞留;基因家族扩张;喀斯特生境的适应性;怀集报春苣苔;全基因组复制事件

高粱种子代谢组学研究

周亚星

(内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽)

Abstract: Sweet sorghum (*Sorghum bicolor*) is one of the most important cereal crops in the world with colorful seeds. To study the diversity and cultivar-specificity of phytochemicals in sweet sorghum seeds, widely targeted metabolomics was used to analyze the metabolic profiles of the white, red, and purple seeds from three sweet sorghum cultivars Z6, Z27, and HC4. We identified 651 metabolites that were divided into 24 categories, including fatty acids, glycerolipids, flavonoids, benzoic acid derivatives, anthocyanins, and nucleotides and its derivatives. Among them, 217 metabolites were selected as significantly differential metabolites which could be related to the seed color by clustering analysis, principal component analysis (PCA), and orthogonal signal correction and partial least squares-discriminant analysis (OPLS-DA). A significant difference was shown between the red seed and purple seed samples, Z27 and HC4, in which 106 were downregulated and 111 were upregulated. The result indicated that 240 metabolites were significantly different, which could be related to the purple color with 58 metabolites downregulated and 182 metabolites upregulated. And 199 metabolites might be involved in the red phenotype with 54 downregulated and 135 upregulated. There were 45 metabolites that were common to all three cultivars, while cyanidin O-malonyl-malonyl hexoside, cyanidin O-acetylhexoside, and cyanidin 3-O-glucosyl-malonylglucoside were significantly upregulated red seeds, which could be the basis for the variety of seed colors. Generally, our findings provide a comprehensive comparison of the metabolites between the three phenotypes of *S. bicolor* and an interpretation of phenotypic differences from the point of metabolomics.

Study on relationship between Transbaikal zokor (*Myospalax psilurus*) and habitat environmental factors in meadow steppe of Inner Mongolia

XING AN

(College of Agronomy, Inner Mongolia University for Nationalities, Tongliao, P. R. China)

Abstract: we have studied the mechanism of grassland ecosystem influencing factors on Transbaikal zokor (*Myospalax psilurus*) population dynamics in Old Barag Banner in Inner Mongolia. In this research, we use Structural Equation Modeling (SEM) method to build up structural equation models (SE model) to fit different interference effect on Transbaikal zokor population dynamics. According to the characteristics of Old Barag Banner grassland ecological system, we established model with [piecewiseSEM] packages of R software. According to the SEM analysis, we determine the main influencing factors of Transbaikal Zokor population dynamic in grassland ecological system and their mutual relationships. Results show that: For *Myospalax psilurus*, Plant Biomass and Climate Factors directly influence them, but the direct influence of Plant Coverage to the zokers are weak. Plant Water Content has a larger direct impact on the number of zokers, but Plant Height, Coverage and Soil Hardness on the mole is weaker than those. Mutual effects between Transbaikal Zokor populations and different major factors are: Zokor population by climate condition (0.23), soil moisture (0.36) and plant biomass (0.2) have direct influence; Soil hardness on zokor population has negative effects (0.08). Daily average illuminance has negative effects on zokers (0.46).

Keywords: Transbaikal Zokor; Structural Equation Modeling; Rodent population dynamics; Meadow steppe

植物表型组整合分析平台构建与大数据分析

陈迪俊

(南京大学, 江苏 南京)

摘要:测量和分析植物表型参数是研究植物功能的重要途径。传统表型测量方法耗时耗力,测量结果准确性较低,无法捕捉植物生长过程中的动态表型数据。这些缺点大大限制了功能基因组学的深度研究以及大规模遗传育种的应用。为此,我们开发了植物表型组整合分析平台,该平台能够用于多种植物物种的表型数据分析,同时支持多光谱图像数据的处理,从图像中提取近500种可靠且有意义的表型数值特征;此外,该平台整合了基于图像特征分析的多功能后续分析模块,包括特征选择与预处理、高维数据可视化、机器学习、生长模型分析等功能。同时,我们以大麦为研究对象,利用高通量表型平台分别在正常处理和干旱处理条件下测定300株大麦在整个植物生长阶段的400余个动态表型特征。结合图像分析和机器学习方法,我们分离出54个非冗余数字化表型特征(包括结构、株高、体积、颜色、枯萎程度、分蘖数、生长速度等),这些特征能够精确度量植物在正常和干旱条件下的生长变化和应对干旱胁迫的反应。总之,基于表型组学大数据思想该研究首次在系统水平上解析了作物生长和发育的动态表型特征,为后续高精度解析作物抗旱的遗传机理提供了新思路,同时为作物育种以及“精准农业”提供了重要的指导方案。

参考文献:

- 1、Chen D*, Fu LY, Hu D, Klukas C, Chen M*, Kaufmann K*. Commun Biol. 2018 Jul 5;1:89. doi: 10.1038/s42003-018-0091-x.
- 2、Chen D*, Shi R, Pape JM, Neumann K, Arend D, Graner A, Chen M, Klukas C. Gigascience. 2018 Feb 1;7(2). doi: 10.1093/gigascience/giy001.
- 3、Guo Z, Chen D*, Alqudah AM, Röder MS, Ganai MW, Schnurbusch T*. New Phytol. 2017 Apr;214(1): 257-270. doi: 10.1111/nph.14342.
- 4、Chen D, Neumann K, Friedel S, Kilian B, Chen M, Altmann T, Klukas C*. Plant Cell. 2014 Dec;26(12): 4636-55. doi: 10.1105/tpc.114.129601.
- 5、Klukas C*, Chen D, Pape JM. Plant Physiol. 2014 Jun;165(2):506-518.

生物信息学在解析哺乳动物胚胎基因组激活 先锋因子中的应用

左永春

(内蒙古大学生命科学学院, 省部共建草原家畜生殖调控与繁育国家重点实验室, 内蒙古 呼和浩特)

摘要:生命作为大自然最美的杰作, 个体的诞生是一个复杂、精细又严格遵守时空逻辑调控的过程。哺乳动物的早期胚胎发育过程是生命个体形成和器官分化形成的基础, 解析其内在的分子机制是理解生命复杂性和统一性的前提。胚胎的发育长期以来是一个神秘的“黑匣子”, 高通量组学技术在生命领域的广泛应用, 使得遗传信息能够在基因组高级结构、染色质修饰、mRNA、protein、代谢组等多尺度被精准地捕获, 大大加快了发育调控机理和细胞命运决定机制的深入研究。

近几年, 关于小鼠和灵长类哺乳动物的早期胚胎发育研究已积累了完备的海量数据, 取得重要知识经验, 这为生物信息学家通过交叉学科方法研究哺乳动物早期胚胎发育的全基因组激活的多尺度调控模式提供了广泛参与的机会, 我们课题组依托省部共建草原家畜生殖调控与繁育国家重点实验室, 采用生物信息学方法, 主要围绕哺乳动物(草原家畜)早期胚胎发育和体细胞重编程分子机制, 信息生物学途径及其关键的核酸/蛋白质分子标记的序列出发点的功能解析方面展开系列研究工作。首次通过利用“干”和“湿”结合系统生物学手段, 针对草原家畜牛异种克隆胚胎从转录调控通路、核质互作关系、母源 mRNA 降解等角度系统分析了胚胎发育阻滞存在的分子机理, 鉴定出阻滞关键调控因子 TIMM 家族(BMC Genomics, 2014, 15:1113); 解析了哺乳动物体细胞重编程胚胎基因组激活失败的关键分子障碍研究(Mol Ther–Nucl Acids, 2020, 19, 1053–1064), 建立了细胞重编程先锋因子 Oct4 靶向调控细胞重编程的数学描述(Comput Struct Biotechnol J, 2019, 17, 1226–1233.), 完成了关于草原家畜哺乳动物植入前胚胎发育全基因组激活的物种特异性差异基因识别的方法(IEEE Access, 2019, 7: 7794 – 7802, ESI 1% 高被引论文), 阐述了早期胚胎发育过程中全基因组子区域精细化的 DNA 甲基化变化(Open Biol. 2018, 8: 180131), 还建立系列细胞编程和重编程的大数据分析平台, 包括哺乳动物早期胚胎发育全基因时序性激活的数据库 EmExplorer (Open Biol. 2019, 7:7794–7802) 和胚胎发育时空特异性人工智能预测平台(Mol Ther–Nucl Acids, 2020, 20: 155 – 163, 软件著作权 2019SR0463259)。

针对哺乳动物胚胎基因组激活过程广泛的表观遗传重编程研究,我们阐述了DNA主动去甲基化酶TET蛋白功能实现的序列和结构基础(Briefings in Bioinformatics. 20(5), 2019, 1826 – 1835, ESI 1% 高被引论文), 围绕依赖于Fe²⁺和 α -酮戊二酸完成mRNA去甲基化修饰的关键蛋白ALKBH,通过定义四个关键loop,清晰地解析了ALKBH蛋白底物亲和力的多样性(Cell Mol Life Sci. 2020 Jul 8. doi: 10.1007/s00018-020-03594-9)系统地阐述并总结了ALKBH家族的底物选择性;并搭建完成了蛋白质序列氨基酸约化数据分析平台RAACBook (Bioinformatics. 2017, 33(1):122–124, ESI 1% 高被引论文, Database, 2019, baz131, 计算机软件著作权:2019SR0467812),建立了能够简化氨基酸序列复杂性的RaacLogo,使基于信息学的logo图形具有了生物学意义,更好的反映了蛋白序列的功能保守性(Briefings in Bioinformatics. 2020 Jun 10;bbaa096. doi: 10.1093/bib/bbaa096.)

瘤胃微生物功能及其营养调控

牛化欣

(内蒙古民族大学动物科技学院, 内蒙古 通辽)

摘要:瘤胃微生物在降解低质饲料为反刍动物提供能量和提高饲料效率做出了重要贡献,在反刍动物饲料消化和营养吸收中起关键作用,对其生产效率和健康状况以及环境的污染起着至关重要的作用。采用新的检测方法和生物信息学技术,研究反刍动物瘤胃微生物的结构、组成及其功能,在改善反刍动物营养物质的利用、提高饲料效率 and 经济效益方面越来越重要。通过调控瘤胃微生物,不仅可以提高饲料效率、降低饲料成本,还可减少温室气体和氮的排放,为反刍动物养殖的可持续发展提供了重要的保障。目前,全世界养殖的反刍动物约有36亿头,主要包括牛和羊等。这些反刍动物能够将人们不可利用的非淀粉植物性碳水化合物转化为高质量可食用的肉类和奶等食品,是人类重要的食物来源,这种转化潜在的代谢过程是由瘤胃厌氧环境中繁多复杂的微生物群落所驱动,它们可以分泌多种纤维和蛋白分解酶产生协同作用,将宿主所摄取的有机物质进行降解,其降解过程不是通过单一微生物来完成,而是需要许多功能微生物的协作,最终生成短链脂肪酸(SCFA)和微生物蛋白(MP),为宿主提供主要的能量和氨基酸。除种间遗传外,瘤胃微生物组的组成和功能主要由日粮决定,而且瘤胃微生物对宿主的健康、饲料效率和环境有害物质的排放起重要作用。近年来,越来越多的研究表明瘤胃微生物与其对反刍动物饲料效率和甲烷排放的影响之间存在相互关联,这使得瘤胃微生物研究处于反刍动物养殖领域的最前沿。因此,综述瘤胃微生物对反刍动物饲料效率和甲烷排放的影响及其营养调控的最新研究成果,旨在为进一步调节瘤胃微生物和激活其代谢产物来提高反刍动物饲料效率和减少甲烷排放提供参考依据,也为克服这些障碍指出了潜在的营养途径。

大鼠松果体内昼夜差异表达 circRNA 与 miRNA 的鉴定与功能分析

郑毅

(吉林大学, 吉林 长春)

Abstract: Circular RNAs (circRNAs) are a new class of RNA with the characteristic of covalently closed circular molecules and involved in many biological processes. However, information about circRNAs in the pineal gland is limited, especially in rats. In this study, 331 circRNAs were identified by Illumina platform in the pineal gland of rats at night and day. 40 circRNAs and 93 miRNAs were found with different expression. Then 29 GO genes were significantly enriched, and 20 KEGG pathways were found to contain differentially expressed circRNA-host-genes. And a total of 887 GO genes and 540 KEGG pathways were found to contain differentially expressed miRNA-target-genes. We predicted 15940 interactions among 40 circRNAs, 93 miRNAs and 600 mRNAs with diurnal differential expression by using miRanda and TargetScan to build a ceRNA regulatory network in the rat pineal. Circadian expression profile of circRNAs in rat pineal gland may provide more information for circRNAs in the regulation of melatonin circadian rhythm changes.

饲喂系统影响绵羊肉质的分子机制初探

吴江鸿

(内蒙古民族大学动物科学技术学院 内蒙古 通辽)

摘要:肉质是一个受基因型和环境因素影响的复杂性状。饲养环境与饲料对羔羊的生长速度和肉质有不同的影响,但其潜在机制仍不完全清楚。本研究以高纤维低蛋白(HFLP)饲料(驼绒藜)和低纤维高蛋白(LFHP)饲料(苜蓿)为研究对象,采用多组学技术,从饲料营养价值和绵羊微生物组、转录组、代谢组和脂肪酸概况。结果表明,饲料对羔羊生产性能和肌肉成分有显著影响。气相色谱-质谱分析表明,饲喂 HFLP 的羔羊肌肉中必需脂肪酸(亚油酸和花生四烯酸)含量增加。饲喂 HFLP 饲料的羔羊瘤胃中的微生物比 LFHP 饲料组的微生物更为多样。此外,LFHP 日粮组瘤胃中拟杆菌和硬壁菌的比例比 HFLP 组高 2.6 倍。肌肉转录组分析显示,与葡萄糖代谢过程和脂肪酸生物合成相关的基因在两组之间有显著差异。在不同组学数据层之间发现了可能的作用通路,这有助于理解饲料影响羔羊肉质的机制。饲料系统可能影响葡萄糖代谢途径相关基因的表达遗传调控。HFLP 饲料可以诱导糖异生以维持血液中的葡萄糖水平,从而降低肌肉中的脂肪含量。多组学分析表明,微生物群落结构与肌肉代谢组和基因表达显著相关。本研究为控制绵羊的营养摄入奠定了理论基础,建议其脂肪酸谱修饰和去除肉品质有害物质可指导羊饲喂功能性羊肉。

关键词: 多组学整合分析,肉品质,饲料

金霉素对牛粪堆肥过程中抗生素抗性基因和菌群结构的影响

勾长龙

(内蒙古民族大学动物科技学院, 内蒙古 通辽)

摘要:了解抗生素暴露下堆肥过程中抗生素抗性基因(ARGs)的变化机制对于 ARGs 的削减是至关重要的。我们以牛粪和稻草秸秆为堆肥原料,通过添加不同水平(0,20,100 mg/kg-1)的金霉素(CTC)构建抗生素暴露的堆肥系统。利用 q-PCR 和 16S rRNA 高通量测序等技术测定堆肥过程中 ARGs、可遗传元件(MGEs)、细菌群落和环境因素(CTC,温度、pH、C/N)的动态变化,并利用 RDA 分析 MGEs、细菌群落和环境因素对 ARGs 变化的贡献率,利用 network 分析 ARGs 的潜在宿主菌。结果表明:堆肥可以有效削减 ARGs 的相对丰度,但低水平和高水平 CTC 添加延缓了 ARGs 削减进程;高水平 CTC 添加显著增加了四种 MGEs(intI1, intI2, Tn916/1545 和 ISCR1)的相对丰度;堆肥过程中细菌群落结构根据堆肥阶段聚类,高水平 CTC 添加对堆肥后期细菌群落结构有持续的影响;RDA 分析结果表明细菌群落、MGEs 和环境因素(CTC,温度、pH、C/N)对堆肥过程中 ARGs 变化的解释率分别为 50.1%, 29.4%, 20.5%,细菌群落是 ARGs 变化的主要驱动因子;Network 分析结果表明 Firmicutes 和 Proteobacteria 是 ARGs 主要的潜在宿主菌。

关键词:堆肥发酵, ARGs, 细菌群落, 金霉素

猪囊虫病候选诊断标识筛选及检测方法的建立

孙树民

(内蒙古民族大学动物科技学院, 内蒙古 通辽)

摘要:猪囊尾蚴病一种世界流行的重要人畜共患寄生虫病,目前缺乏有效诊断标识,特别是适用于早期免疫学诊断标识的筛选。利用Shotgun技术筛选猪囊尾蚴囊液异性候选诊断标识蛋白并分析功能、通路富集和蛋白质相互作用(PPI)网络;利用抗体芯片技术高通量筛选猪囊尾蚴虫体和囊尾蚴患者血清与健康人血清差异表达抗体蛋白;选用GP50和TSOL18诊断标识结合上转换发光生物传感器技术初步建立诊断方法。结果显示:共筛选到158种已知蛋白,初步确定GP50、小热休克蛋白、8KDa糖蛋白和烯醇化酶为候选诊断特异性抗原。所获蛋白多为低分子量蛋白质,多为水解酶。GO分析表明,蛋白质的分子功能主要以催化活性和结合功能为主。通路富集分析表明,已知蛋白主要富集于PI3K-Akt和糖酵解/糖异生信号通路。PPI蛋白相互作用网络中的节点主要是糖代谢酶。提取的各蛋白质组均具有明显的条带,Biotin标记效率良好0.1 μ g便可覆盖泳道,足以进行抗体芯片反应,通过芯片扫描及差异表达分析,获得差异程度较为明显的抗体共271个,通过对其中前27个抗体进行验证,发现6个健康血清与患者血清和虫体样本均表现为差异显著或差异极显著的抗体。成功表达与鉴定GP50和TSOL18蛋白,并完成了与上转换发光材料偶连,预装备诊断该病中试产品。利用Shotgun技术初步确定四个蛋白为候选诊断特异性抗原,利用抗体芯片技术筛选出六个差异显著或差异极显著的抗体,初步建立诊断标识结合上转换发光生物传感器检测方法。

关键词:猪囊尾蚴病,Shotgun技术,抗体芯片技术,上转换发光生物传感器,诊断标识

Prmt5 在生殖细胞发育过程中的作用

王彦博

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽)

摘要:在生殖细胞发育过程中,表观遗传修饰要进行大规模的重建,异常的表观遗传修饰通常会导致生殖细胞发育异常或死亡,在临床上会引起不育不孕。Protein arginine methyltransferase 5(Prmt5)属于蛋白质精氨酸甲基转移酶家族,该家族包含有 11 个成员。根据甲基化类型归纳为三种甲基化模式,单一甲基化,非对称性双甲基化,对称性双甲基化。PRMT5 属于对称性双甲基化转移酶。我们研究发现 Prmt5 在生殖细胞中呈现动态表达。进一步利用 Tnap-Cre 在 PGCs 中敲除 Prmt5 后导致成年雌性和雄性小鼠不育,生殖细胞在 E12.5 ~ E13.5 丢失,定量 PCR 和免疫组化结果显示,缺失 Prmt5 的生殖细胞全能性相关基因和早期生殖细胞特异性基因的表达显著上调,而减数分裂相关基因表达显著下调。免疫荧光结果显示,敲除 Prmt5 基因后 H4R3me2s 甲基化水平显著降低,而 H3R2me2s 甲基化水平没有明显改变,IAP 和 LINE1 两种转录转座子元件显著上调,转座子表达上调可能是导致早期生殖细胞大量丢失的主要原因之一。利用 Stra8-Cre 在出生后 3 天左右的雄性生殖细胞中敲除 Prmt5 同样会导致生殖细胞丢失和雄性不育。Prmt5 Δ /flox;Stra8-Cre 小鼠的生殖细胞在出生后 10 天前没有明显异常,出生后 12 天开始生殖细胞的发育出现异常,H4R3me2s 显著下调,而 H3R2me2s 并没有明显变化。综上所述,Prmt5 在生殖细胞存活与发育过程中扮演着重要角色。

关键词:Prmt5,表观遗传学,生殖细胞,H4R3me2s

GnRH处理前后大鼠腺垂体差异表达非编码RNA的鉴定及其对促卵泡素合成与分泌的潜在调控作用分析

王皓琪,袁宝,张嘉保

(吉林大学动物科学学院,吉林 长春)

摘要:垂体分泌的促卵泡素(FSH)在动物繁殖过程中发挥着关键性的作用,其参与精子发生和卵泡发育等重要生命活动。然而,尚不清楚非编码RNA是否在FSH的合成与分泌过程中发挥潜在作用。在本研究中,我们通过高通量测序技术、TargetScan与双荧光素酶报告等方法预测了可能与大鼠FSH β 基因存在靶向作用关系的miRNA。筛选得到18个能够靶向作用FSH β 的miRNA并对其进行进一步鉴定。基于以上结果以及lncRNA、circRNA等其他非编码RNA具有竞争性结合miRNA从而调控靶基因的生理功能(ceRNA机制),我们进一步使用Illumina平台在GnRH处理前后大鼠垂体前叶中对lncRNA与circRNA进行了鉴定。结果在4123个circRNA与7039个lncRNA转录本中发现了32个差异表达的circRNA与1181个差异表达的lncRNA转录本。利用lncRNATargets平台构建了lncRNA与FSH β 基因的相互作用网络,我们获得了3个新的lncRNA。同时,发现新挖掘得到的lncRNA-m433s1可以减轻miR-433对FSH β 的抑制作用,并通过使miR-433海绵化来进一步调节FSH分泌。这一ceRNA机制的发现将为与大鼠繁殖相关的lncRNA调控机制提供新的见解。此外,我们还使用miRanda预测了53个circRNA和57个miRNA之间的90种相互作用并发现circ_0000964和circ_0001303是可能调节FSH β 基因的潜在miRNA海绵。这些组学数据可能为探究非编码RNA是否对FSH合成与分泌具有调控作用提供更多的有效信息,并帮助了解非编码RNA在哺乳动物激素分泌与生殖发育过程中的潜在作用。

关键词:腺垂体,促卵泡素,非编码RNA,哺乳动物繁殖

蒙药肋柱花对高脂高能量诱导肥胖大鼠的 减肥作用及胃肠调节作用研究

包特日格乐

(内蒙古民族大学蒙医药学院 内蒙古 通辽)

摘要:在蒙药学理论中,苦味具有降低“协日”作用,消化协日作为“消化三火”的主要部分,其功能与胃肠道消化息息相关。地格达类作为抑制“协日”和祛火功能的特色蒙药,味苦,性寒凉,具有燥腻消脂、健胃等作用。本研究旨在以蒙医药性药味理论为指导,以苦味功能研究为基础,阐明地格达类蒙药肋柱花对高脂高能量诱导肥胖症大鼠的减肥功效及对胃肠道功能的影响。本研究将 Wistar 大鼠随机分为正常对照组(正常饲料)、模型对照组(高脂饲料)、阳性对照组(高脂饲料+奥利司他)、肋柱花低中高(0.18g/kg、0.9g/kg、1.8g/kg)剂量组,灌胃给药肋柱花乙醇提取物 6 周,测量其对肥胖大鼠各项减肥指标和胃肠道功能的影响。结果显示,肋柱花低剂量组($P=0.008$)、中剂量组($P=0.015$)对大鼠体重有明显降低作用。肋柱花低剂量组($P=0.019$)、中剂量组($P=0.044$)对大鼠 Lee's 指数有明显降低作用。肋柱花中($P<0.001$)、高剂量组($P=0.044$)对大鼠胃排空有明显延缓作用,对各剂量组的进食量均有明显降低作用($P<0.05$),证明大鼠由于胃排空的延缓产生饱腹感而降低其食欲。肋柱花对小肠推进率无显著作用。脂肪沉积结果显示,肋柱花中剂量组对肥胖大鼠肾脏周围脂肪($P=0.05$)、附睾周围脂肪重量($P=0.004$)及肠系膜脂肪重量有显著降低作用($P=0.028$),肋柱花低剂量组对 TG($P=0.026$)及 LDL-C($P=0.046$)均有显著作用,中剂量组对 TC 有显著降低作用($P=0.039$)。以酶联免疫法测量血清中胃肠道食欲激素胆囊收缩素(CCK)分析结果显示,肋柱花低剂量组对 CCK 有显著降低作用。UPLC-MS 对肋柱花提取物进行成分分析发现,肋柱花提取物主要成分为獐芽菜苦苷,含量为 30.98%。总之,本研究发现肋柱花乙醇提取物主要成分为獐芽菜苦苷,且对高脂高能量诱导的肥胖大鼠具有减肥功效和调节胃肠功能作用。其中,对降低肠系膜脂肪重量的作用效果最为明显。

关键词:蒙药;肋柱花;减肥;胃肠功能

基于FXR通路的地格达八味散 退黄作用机制研究

吉日木巴图

(内蒙古医科大学, 内蒙古 呼和浩特)

摘要:法尼醇X受体(FXR)是位于肝、肾和小肠部位的胆汁酸受体,其分类为NR1H4,可调控胆汁成分的代谢。激动FXR可诱导肝内胆红素的亲水结合,并增加胆红素外排蛋白MRP2的表达,促进胆红素排出肝脏。FXR还能间接抑制CYP7A1活性,减缓肝内胆汁酸的生成,与此同时激活的FXR促进胆汁酸外排蛋白表达,使胆汁排泄加速。由于FXR通路在胆汁成分的代谢和转运过程有重要的调节作用,研究退黄利胆药物的作用机制时应注意药物对FXR通路的影响。地格达八味散临床应用历史悠久,在蒙医经典古籍《四部甘露》、《秘诀方海》的希拉病治疗部分有明确记载,具有清“希拉”,泄肝火,利胆的功效。用于“希拉”热引起的头痛,肝胆热症,目肤,小便赤黄和黄疸。本文对地格达八味散所含化学成分进行整理,运用网络药理学方法进行成分的ADME筛选和作用靶点的搜集,刻画成分-靶点作用网络,并对主要作用靶点功能进行富集分析,预测了地格达八味散退黄利胆的作用机制和可能的活性成分。进而运用LC-MS方法对该方成分进行分析,结合入血成分的鉴定和特异性成分的定量,提供可能为有效成分的证据。最后,结合网络药理学预测的机制,对FXR通路相关目的基因和蛋白表达量进行定量,验证网络药理学的预测以及阐释地格达八味散退黄作用机制。

关键词:地格达八味散;法尼醇X受体;FXR;黄疸;退黄;胆红素

Identification and clinical significance of immune infiltration-associated lncRNAs in the tumor microenvironment

周猛

(温州医科大学生物医学大数据研究所, 浙江 温州)

Abstract: The imbalance of immune status in the tumor microenvironment is an essential determinant of tumor development and progression. The precise regulation of the immune system is crucial to maintain the immune homeostasis and prevent and treat human complex diseases such as cancers. Increasing evidence has demonstrated the functional relevance of long non-coding RNAs (lncRNAs) to immunity regulation and the tumor microenvironment in cancers. However, the research on tumor immune infiltration-associated lncRNAs and their value in improving clinical outcomes and immunotherapy are still in its infancy, and more efforts are needed. Here, we aimed to develop novel computational algorithms and framework for identifying immune infiltration-associated lncRNAs through integrative analysis of multi-omics data of immune cell lines, tumor cell lines, tumor tissues, and patients with immunotherapy. Then we presented two cases in non-small cell lung cancer (NSCLC) and bladder cancer (BCa) and investigated the importance and value of immune infiltration-associated lncRNAs as a biomarker for predicting clinical outcome and immunotherapy responses

生态环境、行为健康与蒙医药学

财吉拉胡

(内蒙古民族大学蒙医药学院, 内蒙古 通辽)

摘要:作为一种传统医学,蒙医药学与生态环境和行为健康有着密不可分的联系。千百年来蒙古族行为健康通过蒙医药学认知对生态环境可持续发展起到重要作用。然而,目前,很少有学者从医学人文视角关注生态环境和行为健康与蒙医药学的社会文化互动关系。本文将从医学人文视角分析蒙医药学饮食起居理论和实践的个案研究,试图揭示社会文化中的行为健康对生态环境、疾病、诊疗和保健起到的重要作用。

关键词:生态环境,行为健康,蒙医药学

基于民族植物学研究的蒙药资源开发利用

曹乌吉斯古楞

(内蒙古民族大学蒙医药学院, 内蒙古 通辽)

摘要:蒙药学是基于蒙古族传统医药知识与经验的,是蒙古族游牧经济和游牧文化基础上产生和发展起来的传统药学。蒙药资源主要来源于植物、动物和矿物质,以传统蒙药和民间药组成。民族植物学作为民间传统医药知识的研究途径对蒙古族民间药的开发利用发挥着重要作用。本文以民族植物学为研究手段,对蒙古族民间药用植物知识的科学评价及蒙药资源的开发利用进行了有益的探索。

1、对蒙古族民间药用植物命名进行了初步研究,表明蒙古族有着历史悠久的植物命名传统知识和文化,对植物界的认知具有本民族的文化和传统经济特色,对植物分类群的命名具有科学价值和实用价值。

2、蒙古族民间利用植物方面,对蒙药蔬菜兼用植物进行了调查及评价。按照植物利用部位相同或相近、药用和食用方式相同的原则,共确定内蒙古地区蒙药蔬菜兼用野生植物67种和4变种,具有明显的地区与民族特色及开发利用价值。

3、对内蒙古东部地区蒙古族民间治疗风湿病的药用植物知识进行了调查整理,结果发现共有32种、1亚种、2变种、1变型,其中8种植物未见文献记载其治疗风湿病的功效,12种植物的功效与文献记载相同,13种植物的药用部位与文献记载不同,3种植物有祛风除湿的功效,但没有治疗风湿病的记载。

4、选择蒙药混用种类麻花艽、秦艽、达乌里龙胆,即民间用来治疗风湿病的秦艽属植物作为研究对象,进行了化学成分及体内体外药理学实验研究,结果表明,3种植物所含主要化学成分相同,主要含有环烯醚萜苷类 and 黄酮类,并对不同萃取部位具有抗炎作用,其含量高的主要成分对破骨细胞的抑制作用。本结果对蒙古族民间治疗风湿病的药用植物知识进行了科学验证,为蒙药资源的进一步合理开发利用提供了科学依据。

关键词:民族植物学,蒙药资源,开发利用,蒙古族民间植物利用

Selective catalytic conversion of lignocellulosic biomass components to chemicals

塔娜

澳大利亚昆士兰科技大学

Abstract: Lignocellulosic biomass is the most abundant renewable bio-resource on earth, and has great potential to produce biofuels, industrial chemicals and polymeric materials, as a low cost and sustainable feedstock. In order to develop an economically feasible and environmentally friendly biorefinery route for the valorization of lignocellulosic biomass, each component of the biomass (lignin, hemicellulose and cellulose) must be converted into valuable products. Compared to the conventional biorefinery process, the potential of a novel grass-based biorefinery process presented in this project is to convert the entire grass lignocellulosic biomass to high value-added products. There are three main steps in this relatively green process which are: (a) the direct depolymerization of whole lignocellulosic biomass to bioaromatics, (b) the production of the alkylated mono-sugars, and (c) simple carbohydrate-to-HMF conversion after the hydrolysis of cellulose. The advantages of this approach include no acid, base or toxic chemicals are used, worked under relatively less harsh operating conditions, and the use of green solvents and solar energy. Products obtained from this project such as bio-aromatics and 5-HMF are valuable platform chemicals that can be further upgraded to high performance epoxy resins, levulinic acid, 5-chloromethylfurfural and FDCA.

草甸草原乳酸菌多样性及其青贮品质研究

侯美玲

(内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽)

摘要:为提高草甸草原天然牧草的青贮品质,改变传统打草方式,提高天然牧草利用率,保证家畜全年饲草供给,在前期最适青贮条件下,研究不同牧草种类、不同青贮天数对天然牧草青贮微生物组成、发酵品质和营养成分的影响,揭示草甸草原天然牧草青贮过程中的微生物组成、发酵品质、营养成分变化机制;从不同种类天然牧草原料和青贮饲料中分离乳酸菌,筛选产酸高、生长快的3株菌株,为天然牧草青贮专用乳酸菌添加剂提供理论及应用基础。

长期恶劣环境导致根瘤菌结瘤固氮能力下降研究

冀照君, 陈宇杰, 王晓宇, 穆沙茉莉, 张波, 袁晓霞, 陈文峰

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽)

摘要: 锦鸡儿属植物是干旱、半干旱荒漠地区防风固沙、保持水土的良好豆科植物, 根瘤菌的共生固氮作用可以为该植物生长提供充足的氮素。本研究以高效共生固氮根瘤菌 CCBAU 01603 作为出发菌株, 分别在碱胁迫及无胁迫环境下连续转接 500 代, 结果发现进化菌株的盐、碱环境适应性增强, 但结瘤固氮能力却出现了不同程度的下降或丧失, 根瘤内类菌体的发育异常以及细胞内密度降低, 是导致根瘤固氮效率下降的直接原因。进化菌株基因组上出现了很多相同的 SNPs 位点变化, 这些基因主要参与代谢调控、大分子转运及四型分泌系统等过程, 表明根瘤菌基因组上存在着一个复杂的结瘤固氮调控系统, 有待进一步深入研究。

关键词: 根瘤菌, 锦鸡儿属, 结瘤, 固氮, 适应性进化

Menthol/IR-780 诊疗一体化纳米制剂在多重影像引导下光热治疗对肿瘤消融的增强作用

张春阳

(中山大学附属第一医院, 广东 广州)

摘要:目的:探究近红外响应型薄荷醇/IR-780相变纳米液滴在多功能显影下指导近红外激光热消融肿瘤的效果。方法:这里,我们采用乙醇注入法制备了一种磷脂负载薄荷醇/IR-780(MIL)的纳米体系,通过透射电镜、动态光散射,检测了纳米体系的粒径分布、形貌特点以及胶体稳定性。通过热像仪对样品在近红外激光(808 nm)照射进行升温情况的对比,并肌肉模型消融体积的对比。此外,采用MTT及活死细胞染色实验在细胞水平上验证负载薄荷醇的MIL与单纯负载IR-780的纳米粒子对结直肠癌CT-26的杀伤效果。最后我们采用荷瘤小鼠为模型验证了该体系的荧光及光声造影情况,以及近红外激光出发后产生的超声影像,并对样品组是否能有效吸收近红外光后产生空化效应,增强光热治疗的效果进行了研究。结果:该体系具有良好的胶体稳定性,生物相容性以及多重成像功能,包括光声成像和荧光成像。经近红外激光照射后,该纳米制剂作为光热转化剂将光能转化为热能MIL其最高温度是IL组的1.25倍,体外消融结果证明,MIL组消融体积是单独的IR-780脂质体的2.05倍,。值得注意的是,该局部过高热不仅能促进肿瘤细胞消融,同时引起薄荷醇的气化产生空化作用,产生的薄荷醇微泡显著提高了肿瘤部位的超声显影信号。体内实验进一步说明其抑瘤效率得到明显提高MIL组的抑瘤率为70.8%,IL组的抑瘤率为12.7%。以上结果证明MIL可作为一种多重影像引导消除肿瘤的有效手段,具有巨大的临床转化潜质。

关键词:光声成像,超声成像,光热治疗,诊疗一体化,薄荷醇

基于聚多巴胺传感器的构建及其在生物分析中的应用

马立娜

(中国科学院长春应用化学研究所, 吉林 长春)

摘要:黑色素广泛分布在人体的毛发,皮肤,肝脏,脾脏等器官中,具有良好的生物兼容性,主要起到防止紫外线伤害,内脏的保护,保温等作用。黑色素的主要成分为聚多巴胺,据文献报道,聚多巴胺能有效地包覆在几乎任何材料的表面。聚多巴胺纳米粒子作为一种新型的纳米材料,合成方法简单、成本低廉,具有独特的物理/化学性质,如:(1)紫外吸收光谱具有较宽的吸收带,可与多种荧光基团/荧光纳米粒子的发射光谱互相重叠,使聚多巴胺纳米粒子在荧光共振能量转移体系中可作为多种荧光基团的能量受体;(2)表面富含邻苯二酚、胺基、亚胺基等官能团,可以通过 π - π 堆积、氢键作用及希夫碱或迈克尔加成反应连结特定的分子;(3)在近红外区有很强的吸收,黑色素所吸收的 99% 以上的光子能量在 50 ps 内将被无辐射地转换为热能^[1]。有研究表明,基于聚多巴胺纳米粒子的诊疗剂不但具有良好的胶体稳定性,生物相容性及生物可降解性,同时,得益于其在近红外区强的光学吸收、良好的光稳定性和弱的共振光散射,其光热转换效率达到了 40%,比常用的光热试剂金纳米棒还要高^[2]。聚多巴胺这种具有近红外吸收的特点和优越的光热转化效率,是理想的光声造影剂。基于聚多巴胺的这些优点,我们构建了一系列基于聚多巴胺的生物传感平台用于活性氧,核糖核酸,细胞凋亡因子等的检测,胃肠道的实时成像以及近红外二区成像指导下的手术,证实了聚多巴胺纳米粒子不但具有良好的光稳定性和生物相容性,而且聚多巴胺包覆的纳米粒子在不同的 pH 值及复杂的生理环境下非常稳定。此外,我们还构建了基于聚多巴胺的三维水凝胶体系,在不同 pH 值及温度下用于检测和去除重金属离子和有机染料分子,以及循环肿瘤 DNA 的快速富集,进一步拓展了其在医学领域的应用。

关键词:聚多巴胺,传感器,生物分析,检测

参考文献:

- [1] S. E. Forest, J. D. Simon, Wavelength-dependent photoacoustic calorimetry study of melanin, Photochem. Photobiol., 1998, 3, 296-298.
- [2] Y. Liu, K. Ai, J. Liu, M. Deng, Y. He, L. Lu, Dopamine-melanin colloidal nanospheres: an efficient near-infrared photothermal therapeutic agent for in vivo cancer therapy, Adv Mater, 2013, 25, 1353-1359.

功能化磁性纳米材料的制备及其在磷酸化肽分析中的应用

江丹丹

(内蒙古民族大学, 内蒙古 通辽)

摘要:作为一种分布广泛的翻译后修饰,蛋白质磷酸化在细胞增殖、代谢、分化和转录等多种生命过程中起着重要的调节作用。目前,检测磷酸化蛋白/肽的重要手段之一即为质谱技术。然而由于内源性磷酸化肽的总含量和离子化效率十分低,通过质谱很难直接检测到复杂的生物样品中的磷酸化肽。因此,发展有效的分离富集方法以排除干扰、提高质谱检测的灵敏度是必不可少的。近年来,开发高效的磁性亲和纳米材料用来选择性捕获磷酸化肽的研究受到研究者的高度重视。与传统的吸附剂相比,磁性纳米材料具有良好的磁响应性,可以在外界磁铁的帮助下实现与溶液的迅速分离。磁性纳米粒子本身不具备特异性吸附能力,并且在分离富集过程中容易发生团聚现象。因此,在实际的实验操作时常常会对磁性纳米粒子的表面进行功能化修饰。本文将对磁性纳米粒子进行功能化修饰以提高其特异性吸附能力及稳定性,制备出集高选择性、良好生物相容性、快速磁响应性等于一体的吸附材料,通过与质谱联用,用于复杂生物样品中低丰度的磷酸化肽的分离与检测。

关键词:磁性纳米粒子,磷酸化蛋白,富集,质谱

利用电子生物传感器解析DNA甲基化

刘雨双

(内蒙古民族大学纳米创新研究院, 内蒙古 通辽)

摘要: DNA甲基化是一种重要的表观遗传学机制,控制着人类基因的表达,它的解析可为人类健康和疾病提供关键信息。目前,对于基因组DNA甲基化水平的检测主要是依赖于高通量测序等传统检测方法,然而传统的检测方法存在费用高、耗时长等问题。因此,我们开发了一种以单层石墨烯场效应晶体管与“DNA-剪刀”构型的生物探针组成的电子生物传感器,实现了对DNA甲基化状态无标记、高灵敏度、快速的检测,并利用胶质母细胞瘤启动子区域不同的甲基化修饰状态作为目标序列,对传感器的检测性能进行评价。结果表明,该生物传感器成功的在pM浓度下表征序列的甲基化修饰状态。此外,通过荧光动力学和分子动力学模拟揭示了目标序列的甲基化位点以及它们能否接近探针探头的趾部区域是设备性能表现的主要决定因素。

关键词: DNA甲基化,石墨烯场效应晶体管,DNA剪刀,狄拉克点电压

ChIP-Hub: an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome

Liang-Yu Fu^{1,2}, Zhigui Wu¹, Peijing Zhang³, Ming Chen³, Kerstin Kaufmann² and Dijun Chen^{1,2}

(¹State Key Laboratory of Pharmaceutical Biotechnology, School of Life Sciences, Nanjing University, Nanjing 210023, China; ²Department for Plant Cell and Molecular Biology, Institute for Biology, Humboldt-Universität zu Berlin, 10115 Berlin, Germany; ³Department of Bioinformatics, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China.)

Abstract: Plant genomes encode a complex and evolutionary diverse regulatory grammar that forms the basis for most life on earth. A wealth of regulome and epigenome data have been generated in various plant species, but no common, standardized resource is available so far for biologists. Here we present ChIP-Hub (<http://www.chip-hub.org/>), an integrative web-based platform in the ENCODE standards that bundles publicly available datasets re-analyzed from >40 plant species, allowing visualization and meta-analysis.

Prediction of Adipose Browning Capacity by Systematic Integration of Transcriptional Profiles

Yiming Cheng^{1,2#}, Li Jiang^{1,2#}, Susanne Keipert^{2#}, Shuyue Zhang^{1,2}, Andreas Hauser³, Elisabeth Graf⁴, Tim Strom⁴,
Matthias Tschöp^{2,5}, Martin Jastroch^{2*} and Fabiana Perocchi^{1,2*+}

(1.Gene Center, Department of Biochemistry; Ludwig–Maximilians Universität München; 81377 Munich, Germany .
2.Institute for Diabetes and Obesity, Helmholtz Diabetes Center; Helmholtz Zentrum München and German National Diabetes Center (DZD); 85764 Neuherberg, Germany . 3.Laboratory for Functional Genome Analysis (LAFUGA), Gene Center; Ludwig–Maximilians Universität München; 81377 Munich, Germany . 4.Institute of Human Genetics; Helmholtz Zentrum München; 85764 Neuherberg, Germany . 5.Division of Metabolic Diseases, Department of Medicine; Technische Universität München; 80333 Munich, Germany . #Equal contribution . *Correspondence . +Lead Contact)

Abstract: Activation and recruitment of thermogenic cells in human white adipose tissues ("browning") can counteract obesity and associated metabolic disorders. However, quantifying the effects of therapeutic interventions on browning remains enigmatic. Here, we devise a computational tool, named ProFAT (profiling of fat tissue types), for quantifying the thermogenic potential of heterogeneous fat biopsies based on prediction of white and brown adipocyte content from raw gene expression datasets. ProFAT systematically integrates 103 mouse–fat–derived transcriptomes to identify unbiased and robust gene signatures of brown and white adipocytes. We validate ProFAT on 80 mouse and 97 human transcriptional profiles from 14 independent studies and correctly predict browning capacity upon various physiological and pharmacological stimuli. Our study represents the most exhaustive comparative analysis of public data on adipose biology toward quantification of browning after personalized medical intervention. ProFAT is freely available and should become increasingly powerful with the growing wealth of transcriptomics data.

Membrane and Vesicle Modelling and Simulation with the MembraneEditor

Bjorn Sommer

(Research Tutor/Year 1 Lead, Innovation Design Engineering, Royal College of Art)

Abstract: The modelling of microbiological structures is a very interesting topic as obviously structures have to be visualized not visible to the bare human eye. Microscopy is required to see these structures, but different microscopy technologies provide heterogeneous information about a cell component, a membrane, or even a molecule. Therefore, computational molecular modelling is used generate 3D structures based on available biological data.

Over the years, we developed the software CELLmicrocosmos MembraneEditor (CmME) which is shown in Figure 1. Here, a biological membrane patch surrounding a protein is generated by combining information from different databases. The atomic structures are visualized as covalent spheres – the radius is based on the covalent forces within the molecules’ structures. The softwarebased modelling process applies membrane packing algorithms which are reproducible, Open Source, and the interactive software follows the WYSIWYG principle [SDGS11].

We are currently using CmME embedded in a complex workflow to model and simulate Polymyxin–membrane interactions with cooperation partners from Monash University and the University of Konstanz [ZLHJ00]. In this way we are investigating Polymyxin dependence which is a novel antibiotic resistance mechanism.

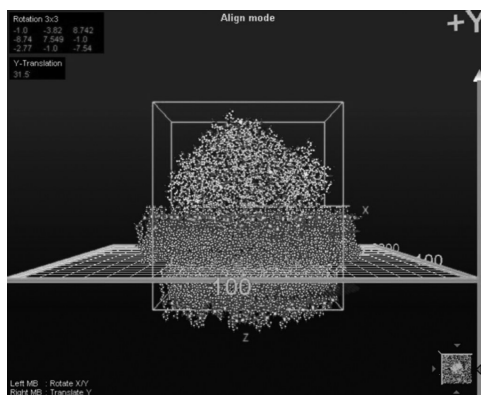


Figure 1 Model of a Biological Membrane showing a number of lipids surrounding a protein in the centre of the membrane patch. The membrane was modelled with CmME.

Whereas the original version of the CmME was only able to model lipids which are placed along a twodimensional area forming membrane patches, we just recently published the Vesicle Builder plugin which can be used to model complex threedimensional membrane shapes with CmME [GKZD20]. Figure 2 shows a modelled liposome which contains two micelles.



Figure 2. Vesicles generated with the Vesicle Builder. Left: Visualization in the MembraneEditor, Right: the exported vesicle rendered in VMD using the Van der Waals visualization.

References

- [GKZD20] GIULIARI, Beatrice; K 諷 TERS, Manuel; ZHOU, Jan; DINGERSEN, Tim; HEISSMANN, André; ROTZOLL, Ralf; KRÜGER, Jens; GIORGETTI, Alejandro; et al.: The Vesicle Builder – A Membrane Packing Algorithm for the CELLmicrocosmos MembraneEditor. In: BYŠKA, Jan; KRONE, Michael; SOMMER, Bjoern (eds.): Workshop on Molecular Graphics and Visual Analysis of Molecular Data : The Eurographics Association, 2020 — ISBN 978-3-03868-114-4
- [SDGS11] SOMMER, B.; DINGERSEN, T.; GAMROTH, C.; SCHNEIDER, S. E.; RUBERT, S.; KRÜGER, J.; DIETZ, K. J.: CELLmicrocosmos 2.2 MembraneEditor: a modular interactive shape-based software approach to solve heterogeneous Membrane Packing Problems. In: Journal of Chemical Information and Modeling 5 (2011), no. 51, pp. 1165 – 1182
- [ZLHJ00] ZHU, Yan; LU, Jing; HAN, Mei-Ling; JIANG, Xukai; AZAD, Mohammad AK; PATIL, Nitin A; LIN, Yu-Wei; ZHAO, Jinxin; et al.: Polymyxins Bind to the Cell Surface of Unculturable *Acinetobacter baumannii* and Cause Unique Dependent Resistance. In: Advanced Science, Wiley Online Library, p. 2000704

The Incorporation of Biological Materials into Product Designs

Nurul ‘Ayn Ahmad Sayuti, Bjorn Sommer, Saeema Ahmed-Kristensen

(Design Products/Innovation Design Engineering RCA London, UK)

Abstract: Biodesign is the incorporation of biological living materials into structures, objects and processes, which are no longer restricted to the scientific field, but are opening up now to engineering and design. The current project is focusing on the emotional experience, practicality, aesthetic and semantic of the incorporation of biological living materials into consumer products. This project is also elaborating the way potential consumers perceived and reacted towards living organisms visually and emotionally. This study does not so much focus on applications in biotechnology/biomedicine, but more on how human beings interact with living, design-embedded materials. However, we expect to learn new findings which can be also applied in the future to biotechnology/biomedicine-related projects.

This research project was developed in four stages, namely: 1) an initial compilation and classification of biological materials and related products were carried out, 2) the online survey was disseminated to understand the emotional responses and perception of potential consumers towards biological elements, 3) the further development of the previous study’s conceptual model and its evaluation in the survey, and finally, 4) analysing the results gathered from the survey.

The biological materials embedded into product designs can generate positive as well as negative emotional reactions. However, our current research project can be the base for a number of future investigations by broadening the scope to, for example, an in-depth understanding of the interactions of human beings between living organisms in real life setting or the exploration of other product designs in the given context.

Moreover, we also designed a new survey for the latest postdoctoral project to find out the perception and preferences of potential users in regards to product designs and product embedded with living organisms during COVID-19/lockdown (or any similar situation in the future). This study is also looking into consumers purchasing behaviour during COVID-19/lockdown to see whether their purchasing decisions are affected during the pandemic.

Unravelling the likely association between individuals’ ancestral make-up and the severity of COVID-19 manifestations

Ranajit Das

(Yenepoya Research Centre, Yenepoya University, India)

Abstract: SARS-CoV-2 infection has shown discernible population specific variability across the globe. While in some countries people are recovering relatively quickly, in others, recovery times have been comparatively longer and number of individuals succumbing to it are high. This variability in COVID-19 susceptibility is suggestive of a likely association between the genetic-make up of affected individuals modulated by their ancestry and the severity of COVID-19 manifestations. Currently there are predominantly three ancestry models available for COVID-19. The ancestry models pertaining to the association of Y-haplogroup R1b (Schillaci), West European Hunter Gatherer (WHG) ancestry (Das and Ghate, 2020) and Neanderthal ancestry (Zeberg and Pääbo, 2020) respectively with the severity of COVID-19 manifestations are not mutually exclusive, rather they can very well serve as genomic proxies to each other. In this talk I will discuss about ancestry in general, various ancestry models of COVID-19, there pros and cons, how similar or different they are, and how we can apply these models to Indian perspective.

Data Science in Biological Data: bioinformatics application

Alexandre_Paschoal_Maior

(Federal University of Technology – Paraná, Brazil)

Abstract: This talk provides an initial broad vision on machine learning and data mining applied to the bioinformatics problem to deal with biological data. We bring some examples (cases) to discuss as a potential solution by using data science methods. For that, we present an application on long-noncoding RNA problems in plants, and a resolution by modeling and exploratory the public biological data.

基因组序列重复度定量和重复片段从头检测

冯聪,戴敏,刘永晶,陈铭*

(浙江大学生命科学学院,浙江 杭州)

摘要: DNA 重复序列在真核生物基因组中含量相当丰富,并且已有多项研究证明其在基因组进化和调控中起着至关重要的作用。自人类基因组测序草图完成以来,各种各样的工具、方法被开发用于鉴定基因组中的各种重复片段。某些从头识别工具可以基于 k-mer 计数有效地计算序列重复得分,进行重复片段检测。但是,我们注意到这些工具在重复度计算,对大片段重复(Segmental Duplications, SDs)的敏感性和检测特异性方面进行改进。因此,我们提出了一种名为重复序列定位器(RepLoc, <http://bis.zju.edu.cn/replac>)的新计算方法,该方法基于加权的 k-mer 覆盖率来量化基因组序列的重复度并定位重复序列。根据 RepLoc 生成的人类基因组的重复图谱,我们发现序列重复度与基因组结构之间可能存在某些联系。系统、全面的评估测试表明,RepLoc 是目前基于 k-mer 计数来进行从头重复检测工具中相对更为有效的一种方法。此外,我们的结果表明,Rmap 可能有助于从头开始识别片段重复(SDs)。

关键词: DNA 重复,序列重复度,加权 k-mer 覆盖率

一种基于卷积神经网络的新型蛋白质-蛋白质 互作预测工具

胡晓天, 陈铭*

(浙江大学生命科学学院, 浙江 杭州)

摘要: 预测蛋白质-蛋白质相互作用对于理解细胞正常的生物学过程和人类的疾病至关重要, 这些研究极大地促进了对治疗靶标的认识和新型药物的设计。生物信息学在大规模发现和验证蛋白质-蛋白质互作过程中, 为湿实验科学家提供了很多重要的线索, 并且在指导生化实验设计上发挥了越来越重要的作用。这里我们提出了一种基于卷积神经网络的新型模型来预测蛋白质-蛋白质相互作用。我们使用蛋白质一级序列以及一些人工提取的蛋白质特征比如: 分子质量、能形成转角三维结构的氨基酸百分数、脂肪指数、绝对电荷数等作为神经网络的输入。我们使用蛋白质在数据库中可结合蛋白的百分比所对应的结合分数作为标签来训练神经网络模型, 若预测值大于结合阈值则表明输入的蛋白对可以互作, 反之则不能。最后我们使用平方差损失函数来进行神经网络的参数优化。

关键词: 蛋白质-蛋白质相互作用; 深度学习; 在线预测工具; 卷积神经网络

中间锦鸡儿毛状根遗传转化体系的建立 及条件的优化

杨闯, 万永青, 李国婧, 王瑞刚

(内蒙古自治区植物逆境生理与分子生物学重点实验室,
内蒙古农业大学生命科学学院, 内蒙古 呼和浩特)

摘要:中间锦鸡儿(*Caragana intermedia*)是豆科锦鸡儿属灌木,具有广泛的适应性和抗逆性,是寒旱荒漠区防风固沙、拦泥蓄水、改良土壤、调节小气候的主要栽培灌木树种,在环保、饲用、药用和食用等方面都具有重要的生态价值和经济价值。目前尚未见到中间锦鸡儿高效稳定的遗传转化技术的研究报道,本研究依据发根农杆菌(*Ag.rhizogenes*)感染植物后可诱导植物产生毛状根,且产生的毛状根具有生长迅速、遗传转化稳定、易于检测、次生代谢产物含量高等特点,建立了中间锦鸡儿毛状根遗传转化体系。结果如下:采用发根农杆菌 K599 对诱导中间鸡儿毛状根的几个主要影响因素(如菌液浓度、注射位置及激素等)进行了优化,经筛选,得到适合诱导中间锦鸡儿毛状根的发根农杆菌菌株 K599 的最佳菌液浓度为 OD600 0.9、最佳注射位置为下胚轴子叶节、最佳乙酰丁香酮浓度为 100 μ m/L。通过 β -葡聚糖苷酶(GUS)染色进行转化效率检测,结果显示毛状根诱导率最高达 89.4%、毛状根生根率最高达 39%。本研究为利用中间锦鸡儿毛状根后续的抗逆基因功能鉴定奠定了基础,并为建立中间锦鸡儿高效稳定的遗传转化体系提供了一种可行的方法。

关键词:中间锦鸡儿;发根农杆菌;毛状根;遗传转化

蒙药森登-4汤对膝关节骨性关节炎家兔的软骨组织中II型胶原mRNA的影响

金刚^{1,2}, 吉白格力玛¹, 赵巴根那², 包海金², 徐艳华^{2*}, 额希宝力道¹

(1 蒙古国国立医科大学, 乌兰巴托, 2 内蒙古民族大学附属医院, 内蒙古 通辽)

摘要:目的 探讨森登-4汤对膝关节骨性关节炎的组织中II型胶原(COLII)基因表达的相关性。方法 家兔分成4组,空白组、模型组、对照组、实验组,每组8只。采用手术切断内侧半月板、前交叉韧带、内侧副韧带,联合驱赶被动负重法建立家兔膝关节骨性关节炎模型。灌胃给药,对照组给予壮骨关节丸,按体重 $0.514\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,1次/日。实验组给予蒙药森登-4汤水煎液 $0.428\text{g}/\text{kg}$,空白组和模型组给予等体积纯净水,持续28d后,处死家兔。用酶联免疫法检测家兔关节滑膜组织II型胶原蛋白。采用实时荧光定量PCR法检测关节软骨组织II型胶原mRNA基因表达变化。结果 模型组关节滑膜组织II型胶原含量较空白组显著下降($P<0.01$)。关节软骨II型胶原mRNA基因表达较空白组显著下调($P<0.01$)。对照组II型胶原含量较模型组升高($P<0.05$);II型胶原mRNA基因表达较模型组明显升高($P<0.05$)。实验组II型胶原含量较模型组显著升高($P<0.05$)。II型胶原mRNA基因表达较模型组明显升高($P<0.01$)。结论 森登-4汤通过促进II型胶原基因表达来维持软骨修复,达到抑制软骨向OA疾病发展的作用。

关键词:森登-4汤;膝骨性关节炎;II型胶原mRNA;C2C

Effect of Mongolian medicine Senden-4 Decoction on Type II Collagen mRNA in cartilage tissue of rabbits with knee osteoarthritis

Jin Gang^{1,2}, J.Baigalmaa¹, bagenna ZHAO², haijin BAO², Yanhua XU^{2*},

J.Baigalmaa¹, Sh.Bold¹

(1National Medical University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia; 2Mongolian orthopedics, Affiliated Hospital of Inner Mongolia University of nationalities, Tongliao, Inner Mongolia, 028007)

Abstract To investigate the correlation between Sundon-4 decoction and type II collagen (COLII) gene expression in knee osteoarthritis.

Method: Rabbits were divided into 4 groups, blank group, model group, control group and experimental group, with 8 rabbits in each group. A rabbit model of knee osteoarthritis was established by cutting the medial meniscus, anterior cruciate ligament and medial collateral ligament and driving away the passive load. Intragastric administration, the control group was given bone joint pill, 0.514g kg⁻¹ once per day according to body weight. The experimental group was given the Mongolian medicine Senden-4 decoction 0.428g/kg, and the blank group and the model group were given the same volume of purified water for 28 days before the rabbits were killed. Enzyme league immune method for detection of rabbit articular synovial tissue type II collagen. By real-time fluorescent quantitative PCR method to detect articular cartilage collagen type II mRNA gene expression changes.

Results: The content of type II collagen in synovial tissue of model group was significantly lower than that in blank group ($P<0.01$). The mRNA expression of type II collagen in articular cartilage was significantly down-regulated compared with the blank group ($P<0.01$). Collagen TYPE II content in the control group was higher than that in the model group ($P<0.05$). The mRNA expression of type II collagen was significantly higher than that of the model group ($P<0.05$). Collagen II content in the experimental group was significantly higher than that in the model group ($P<0.05$). The mRNA expression of type II collagen was significantly higher than that of the model group ($P<0.01$).

Conclusion: Mongolian medicine “Senden-4” can maintains cartilage repair by promoting the expression of type II collagen gene, and inhibits the development of cartilage to OA disease.

Keywords: Senden-4, Knee osteoarthritis, Type II collagen mRNA, C2C

引言

骨性关节炎(Osteoarthritis,OA)又称退行性骨关节病,蒙医关节黄水病。以关节疼痛、肿胀、变形为主要临床表现,是严重影响身体健康以及生活质量的骨科疾病。使关节部分或完全丧失功能^[1]。随着我国人口老龄化趋势加速,患骨性关节炎的人数也越来越多,其中膝关节是骨性关节炎最常见最多的发病的部位^[2]。蒙药森登-4味汤是来源于《观者之喜》。由文冠木、川楝子、诃子、梔子等药味组成,具有清热、燥黄水、消肿的功能,用于治疗关节炎、水肿等风湿性疾病^[3]。临床应用其治疗关节炎疗效显著。长期及急性毒性实验研究表明森登-4汤未见毒性反应。药理实验研究表明,对小鼠具有抗炎和镇痛作用^[4]。临床实验研究表明,用森登-4(文冠木4味)结合萨仁嘎如迪等蒙药治疗关节黄水病,取得了满意的疗效。文冠木乙酸乙酯提取物经动物实验证明亦有显著的镇痛消炎作用,且活性比阿司匹林强。本次旨在研究森登-4汤对膝骨性关节炎的Ⅱ型胶原 mRNA 基因表达的调节作用,采用实时荧光定量 PCR 法等现代分子检测技术手段,揭示蒙药森登-4味汤对骨性关节炎的作用靶点探索治疗机制。

材料

实验动物 家兔(SPF级日本大耳白),雄性,6月龄,辽宁长生实验动物中心提供,体重2-3kg。动物质量合格证号 SCXK(辽)-2015-0001。颗粒饲料购自辽宁长生实验动物中心。纯净水,通辽市康乐纯净水公司。

药品及试剂 蒙药森登-4汤,由内蒙古民族大学附属医院蒙药制剂室提供(批号 20180823);壮骨关节丸,由中国华润三九医药股份有限公司生产,购自内蒙古通辽市泽强药店(批号国药准字 Z44023377);丙泊酚(批号 11806052),购自内蒙古古道科技有限公司。Ⅱ型胶原(批号 201903),购自江苏晶美生物科技有限公司。琼脂糖、RT210 核酸染料、6 × DNA 电泳 Loading Buffer RT201-01、50 × TAE Buffer RT204(电泳缓冲液)、DL-2000DNA MarKer(标准品),DP431 动物组织总 RNA 提取试剂盒,均购自天根生化科技(北京)有限公司。KR116cDNA 第一链合成试剂盒、Rer.Trans cription kit(300次)、FP209 荧光定量检测试剂盒均购自天根生化科技(北京)有限公司。RT411DNA 酶 I 购自天根生化科技(北京)有限公司。引物由上海英俊公司设计合成。

仪器 AB-Applied Biosystems 型荧光定量 PCR 仪购自美国 AB 公司上海代理经销公司;DYCP-31DN 型琼脂糖凝胶电泳仪购自北京六一仪器厂。YZB/AUS2468-2011 型酶标仪,帝肯上海贸易有限公司。

方 法

1 动物模型建立及给药

1.1 动物分组与模型建立 按照随机数字表法,将实验家兔分为正常组、模型组、阳性对照组、实验组,每组8只。采用改良 Hulth 法^[5]无菌手术切断家兔右后膝关节内侧副韧带、前交叉韧带,切除内侧半月板,制作骨性关节炎模型。同时进行每天驱赶 30min 致右后膝关节被动负重,4 周后造模成功。

1.2 动物给药 阳性对照组灌胃给予壮骨关节丸按体重每日 0.514g·kg⁻¹,实验组灌胃给予蒙药森登-4 汤水煎液每日 0.428g·kg⁻¹,正常组和模型组灌胃给予等体积蒸馏水,持续 4 周。空气栓塞法处死家兔,取关节软骨组织、关节滑膜组织。

2 检测指标

2.1 酶联免疫法检测关节滑膜组织 II 型胶原含量

制作 10% 关节滑膜组织匀浆,酶标板依次加入样品、生物素标记的相应抗体、链酶亲和素-HRP,37℃ 孵育 60min。洗涤 5 次,加入显色剂 A、显色剂 B,37℃ 避光显色 10min,加入终止液,终止反应,酶标仪 450nm 波长检测 OD 值,计算各检测指标含量。

2.2 实时荧光定量 PCR 法检测 II 型胶原 mRNA 的基因表达变化

取关节软骨组织,提取总 mRNA,琼脂糖凝胶电泳进行 mRNA 定性,分析蛋白污染以及 mRNA 水解情况。PCR 扩增反应条件:95℃ 3min 预变性;95℃ 5s 变性,58℃ 32s 退火/延伸,共设定 40 个循环。58℃ 32s 采集荧光信号,以内参基因 GAPDH 为参照,将目的基因 ct 值及内参基因 ct 值进行统计分析,数据结果以空白组 1 号样品为校准值 1,按照 $2^{-\Delta\Delta ct}$ 法进行统计,分析基因调控情况。

3 统计学分析

结果中计数资料以均数 ± 标准误差形式,用 SPSS 19.0 软件进行统计学分析。

结 果

1 酶联免疫法检测家兔患侧关节滑膜组织 II 型胶原检测结果

与空白组比较模型组家兔关节滑膜组织 II 型胶原含量明显降低,有统计学差异 ($P < 0.01$)。与模型组比较对照组关节滑膜组织 II 型胶原含量升高,有统计学差异 ($P < 0.05$)。与模型组比较实验组关节滑膜组织 II 型胶原含量升高,有统计学差异 ($P < 0.05$),见下表 1。

2 实时荧光定量 PCR 法检测 II 型胶原 mRNA 的基因表达变化

家兔关节软骨目的基因 II 型胶原 mRNA 基因表达,模型组与空白组比较明显降低,有显著差异 ($P < 0.01$)。对照组和实验组与空白组比较无差异。对照组与模型组比较 II 型胶原 mRNA 基因表达明显升高,

有显著差异($P < 0.05$);实验组与模型组比较Ⅱ型胶原 mRNA 基因表达明显升高,有显著差异($P < 0.01$),见下表1。

表1 家兔患侧关节滑膜组织Ⅱ型胶原含量及Ⅱ型胶原 mRNA 基因表达结果 ($\bar{x} \pm s$)

组别	Ⅱ型胶原(ng/mL)	P 值	Ⅱ型胶原 mRNA	P 值
空白组	7.11 ± 0.98		4.70 ± 2.56	
模型组	$5.23 \pm 0.78^{##}$	0.001259164	$0.06 \pm 0.06^{##}$	0.000362314
对照组	$5.90 \pm 1.12^*$	0.0218170539	$4.75 \pm 4.95^*$	0.027505773
实验组	$5.79 \pm 0.90^*$	0.0223268196	$5.40 \pm 3.56^{**}$	0.00737779

注:## 与空白组比较 $P < 0.01$ 。* 与模型组比较 $P < 0.05$, ** 与模型组比较 $P < 0.01$ 。

讨 论

关节软骨损害是膝关节骨性关节炎的基本病理变化、首要表现和病理基础。关节软骨的损害首先是软骨细胞外基质中Ⅱ型胶原的破坏。Ⅱ型胶原是软骨的主要结构成分。基质金属蛋白酶(MMPs)对关节软骨的影响及其在膝关节骨性关节炎发生发展中的作用。在正常情况下,局部MMPs与基质金属蛋白酶组织抑制物(TIMPs)形成动态平衡,维持着软骨正常的结构与功能^[6]。造成MMPs与TIMPs之间的平衡失调,导致关节软骨Ⅱ型胶原、蛋白多糖和弹力纤维等过度降解,从而使关节软骨破坏,是关节软骨退变、进而发生膝关节骨性关节炎的基本环节。

本研究,模型组关节滑膜Ⅱ型胶原及关节软骨Ⅱ型胶原较正常降低($p < 0.01$),对照组和实验组关节滑膜Ⅱ型胶原及关节软骨Ⅱ型胶原较模型组显著升高($p < 0.05$),其中实验组关节软骨Ⅱ型胶原($p < 0.01$),略高于对照组。表明,膝关节骨性关节炎疾病过程中关节滑膜和软骨Ⅱ型胶原明显降低,通过治疗后,关节滑膜和软骨Ⅱ型胶原呈升高趋势,即蒙药森登-4汤通过延缓Ⅱ型胶原降解来维持关节软骨形态来防治膝关节骨性关节炎疾病的发生发展。

参考文献

- [1]付博,杨宝林. 骨性关节炎研究进展[J]. 辽宁中医药大学学报,2014,16(7):243-246
- [2]施桂英,关节炎概要(第二版)[M],中国医药科技出版社,2004:58-59.
- [3]巴根那,图娅,锡光. 蒙医方剂学[M]. 呼和浩特,内蒙古人民出版社:2007,4:148.
- [4]许良,蒙药森登-4汤药效物质基础研究[D]. 沈阳药科大学博士学位论文,2006,12:1.
- [5]肖春苟,邹锦慧,李力强,等. 以改良 Hult 法建立兔膝骨性关节炎关节软骨的病理变化[J]. 中国中医骨伤科杂志,2014,22(12):1-3.
- [6]陆毅. 乌头注射液对家兔膝关节骨性关节炎 MMP-13 表达的影响[D]. 黑龙江省中医药科学院硕士学位论文.2017(5),27.

拟南芥 WRKY11 的功能探究和生物信息学分析

白明珠, 万永青, 李国婧, 王瑞刚

(内蒙古自治区植物逆境生理与分子生物学重点实验室, 内蒙古 呼和浩特)

摘要: WRKY 转录因子因存在 WRKY 结构域而被定义, 该转录因子在生物和非生物胁迫等生理生化反应过程中有着非常重要的作用。模式植物拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*) 中共有 74 个 WRKY 转录因子, 其中属于 WRKY Group II d 亚族的成员共有 7 个。通过研究发现, 该亚族成员中的 AtWRKY11 转录因子对热处理可能具有响应, 过表达株系的根长和抽薹时期在热激处理后较野生型相比均受到明显抑制, 而突变体则具有耐热性。通过生物信息学分析表明, 该亚族的 7 个成员系统进化相似度极高, 其中 AtWRKY11 与 AtWRKY17 的进化程度最相近, 而 AtWRKY11 是该亚族中唯一一个稳定蛋白 (不稳定系数为 39.16); 该转录因子的关键位点 (“WRKYGQK” 后 10 位处) 氨基酸为 “G” 且存在 2 个内含子, 均高度保守 WRKY II d 亚族的分组规则; 通过分析发现, 该基因上游具有脱落酸、抗氧化、茉莉酸甲酯、赤霉素等应答元件, 同时发现该转录因子与 CRCK1、ERF104、DEL1、BRCA1、BARD1 和 RAD51 等蛋白相互作用。通过生物信息学分析所发现的响应元件及互作蛋白, 与该转录因子所受热激诱导及根长等变化相一致, 以上结论为该转录因子的功能研究奠定了一定的理论基础。

关键词: WRKY 转录因子; 生物信息学分析; 功能研究; 非生物胁迫

基于转录组分析鉴定与蓖麻株高相关的差异基因

段强¹, 闫星伊², 赵秀平¹, 王双¹, 张帅²

(1 内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 2 内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽)

摘要:蓖麻(*Ricinus communis* L.)是世界范围内重要的油料作物,其种子含油量为46%~57%,蓖麻油含有蓖麻酸、油酸、亚油酸、硬脂酸和甘油等难以通过化学加工途径获得的短链羟基化脂肪酸,是羟基脂肪酸的唯一商业来源,且蓖麻油为不干性油,在空气中几乎不发生氧化酸败,储藏稳定性好,具有在-18℃下不凝固,500~600℃高温下不变质、不燃烧等特性,是理想的工业用油。此外,蓖麻还具有较高的药用价值。但我国的蓖麻产量却处于较低水平,其主要原因是植株的整体结构、种子的产量、干重与收获指数等关键性状受到了株高的影响,蓖麻由于其生长特性导致成熟植株的株高可达5米,株高过高导致蓖麻难以进行高效地机械收割,致使蓖麻产量与种子的质量急剧下降。因此,深入了解蓖麻株高的相关差异基因与代谢通路,探究其调控株高的相关机制已经迫在眉睫,培育出具有理想株型的蓖麻矮化新品种,从而充分发挥蓖麻在工业、化工、医疗等领域的经济价值,具有重要的现实意义。

目前,对蓖麻矮化的相关机制还知之甚少。本研究通过选取极端表型的不同蓖麻样本,采用转录组分析策略来探究蓖麻矮化的相关机制。从六株样品中共鉴定出7157个差异表达基因,其中3417个基因下调表达,3740个基因上调表达,GO注释结果显示,三大类中包括15个生物学过程,6个细胞组分,19个分子功能。KEGG分析显示,差异基因共富集到了内质网中的蛋白质加工(rcu04141)、植物激素信号转导(rcu04075)、次级代谢产物的生物合成(rcu01110)、DNA复制(rcu03030)、不饱和脂肪酸的生物合成(rcu01040)等17个代谢通路中,其中75个差异表达基因被富集到了植物激素信号转导(rcu04075),包括生长素应答蛋白、乙烯应答转录因子、蓖麻TIFY基因、丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶、双组分响应调节器等。此外,还发现有68个差异表达基因被富集到“内质网蛋白质加工”通路中(rcu04141)。植物的株高与内源植物激素的水平密切相关,大多数植物的矮化是由于赤霉素(GA)和油菜素内酯(BR)合成或信号转导途径受到抑制而导致的,而少数植物矮化的发生则是受到生长素(IAA)水平的影响,本研究基于转录组分析,筛选并鉴定了与蓖麻株高相关的差异基因并对其相关调控机制进行了探讨,为后续蓖麻的相关矮化育种工作提供了有价值的参考。

关键词:蓖麻 株高 RNA-seq 植物激素信号转导

蓖麻 RcLEA 基因克隆与序列分析

段琼^{1,2}, 刘栩铭^{1,2}, 张洪雨^{1,2}, 孟迪^{1,2}, 张继星^{1,2,3,*}, 王晓宇^{1,2,3,*}

(1 内蒙古民族大学 生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽; 2 内蒙古民族大学 科尔沁植物逆境生物学研究所, 内蒙古 通辽; 3 内蒙古自治区高校蓖麻产业工程技术研究中心, 内蒙古自治区蓖麻育种重点实验室, 内蒙古自治区蓖麻产业协同创新培育中心, 内蒙古 通辽)

摘要: 盐胁迫是目前制约农作物生产的主要逆境因素之一, 挖掘盐胁迫相关基因, 利用基因工程手段选育耐盐作物品种将是解决盐渍化土地生产的根本途径[1]。植物为了适应胁迫, 已经形成差异的生理生化机制, 来适应和抵抗逆境胁迫。植物主要通过改变自身的形态、生理和生化过程, 使胁迫应答基因表达, 从而合成特殊的蛋白质[2,3]。其中, 在生物体内广泛存在的 LEA 蛋白是一类与渗透调节通路并在种子胚胎发生的后期大量积累的一系列蛋白质[4]。通过研究发现植物 LEA 基因在胚胎发育的晚期表达量极高, LEA 蛋白大约可达到细胞内蛋白总量的 4% 以上, 因此被认为是在各种胁迫过程中对植物起保护作用的物质之一, LEA 蛋白在帮助植物抵御盐碱方面发挥重要作用[5]。本实验通过设计特异性引物, 克隆蓖麻 RcLEA 基因序列并对其进行特性分析。其结果表明, RcLEA 基因序列长度为 375 bp, 可编码 124 个氨基酸, 其蛋白质分子量为 13.444 kDa, 等电点 (pI) 为 10.7, pH 7 时电荷为 13.63; 对 RcLEA 氨基酸亲疏水性分析鉴定为亲水性蛋白; RcLEA 蛋白的氨基酸序列二级结构预测表明, 存在 72 个 α 螺旋、3 个延伸链、3 个 β 转角、46 个无规卷曲; 对该序列与麻风树、木薯、侧柏等植物的氨基酸序列进行同源比对, 显示都在 70 % 以上; 根据其功能分析推测 RcLEA 蛋白隶属于胚胎发生晚期丰富蛋白家族。胚胎发生晚期丰富蛋白 (Late embryogenesis abundant proteins, LEAP) 在帮助植物抵抗干旱、盐碱和冻害等非生物胁迫方面发挥了重要作用。对蓖麻的胚胎发生晚期丰富蛋白基因 RcLEA 进行克隆与分析, 在其分子水平鉴定其结构和功能特性。为进一步对蓖麻胚胎发生晚期丰富蛋白在耐盐方向的研究上提供了条件。

关键词: 蓖麻; 胚胎发生晚期丰富蛋白; 基因克隆; 生物信息学分析;

高、矮秆蓖麻转录组分析及RcBKI1和RcGASA9基因的功能研究

风兰¹, 李国瑞^{1,2,3,4}, 何志彪⁵, 闫星伊¹, 黄凤兰^{1,2,3,4}, 狄建军^{1,2,3,4}, 陈永胜^{1,2,3,4}

(1内蒙古民族大学, 内蒙古通辽; 2内蒙古自治区高校蓖麻产业工程技术研究中心, 内蒙古通辽; 3内蒙古自治区蓖麻育种重点实验室, 内蒙古通辽; 4内蒙古自治区蓖麻产业协同创新中心, 内蒙古通辽; 5通辽市农业科学研究院, 内蒙古通辽)

摘要:【研究背景】蓖麻是世界十大油料作物之一, 作为唯一可替代石油的经济型农作物, 其发展前景广阔。我国是蓖麻生产大国, 但近年来蓖麻的种植面积正在缩减, 主要是因为蓖麻生产劳动力成本较高, 缺乏适合机械化收割的矮秆品种。因此, 选育矮秆新品种是促进蓖麻种植业发展的关键。目前, 由于蓖麻基因组信息不完整以及表达谱数据的匮乏, 有关蓖麻矮化基因的研究相对滞后, 导致分子辅助育种工作难以开展, 蓖麻矮化机理研究难以深入。利用分子生物学技术明确蓖麻矮化基因及其株高调控分子机制, 加速蓖麻矮化品种的选育进程, 是当前研究工作中急需解决的关键科学问题。【材料与方法】本研究以蓖麻矮秆品系 3358 和高秆品系 2129 为父母本, 建立杂交群体并收集 F₂ 代株高性状分离后的高、矮秆蓖麻群体材料; 利用 RNA-Seq 技术分析高、矮秆蓖麻的转录组, 明确高、矮秆蓖麻中差异表达的基因; 根据 GO 注释和 KEGG 富集分析, 选出与植物激素相关的矮化候选基因 RcBKI1 和 RcGASA9; 在此基础上, 通过基因克隆、构建植物表达载体(包括过表达载体和 CRISPR/Cas9 敲除载体)、遗传转化等分子生物学方法进行基因功能的初步验证。【结果与分析】在建立的蓖麻杂交群体中, F₂ 代具有株高性状分离现象, 出现了高秆和矮秆两种性状, 高秆蓖麻株高为 163.83 ± 18.65 cm, 矮秆材料株高为 99.50 ± 15.76 cm。与高秆蓖麻比较, 矮秆蓖麻主要表现在节间缩短和茎叶夹角降低。对高、矮秆蓖麻进行转录组学分析, 共得到 6557 个差异表达基因。根据差异表达基因 GO 和 KEGG 通路富集分析, 这些基因主要与细胞壁、糖基化转移和植物激素信号转导途径等相关。其中, 油菜素内酯信号转导通路中的矮化候选基因 RcBKI1, 全长和完整开放阅读框均为 999 bp, 推测编码 332 个氨基酸, 对蓖麻株高发育过程中具有负调控作用; 受赤霉素调节的矮化候选基因 RcGASA9, 全长和完整开放阅读框分别为 725 bp 和 342 bp, 推测编码 113 个氨基酸, 具有调控蓖麻主茎伸长的功能。【结论】蓖麻株高发育主要与植物激素信号转导有关, 其中 RcBKI1 和 RcGASA9 基因是调控蓖麻株高矮化的潜在候选基因。

关键词: 蓖麻、矮化、转录组测序技术、RcBKI1、RcGASA9

蓖麻氯离子通道蛋白基因RcCLC的克隆与序列分析

刘栩铭^{1,2}, 段琼^{1,2}, 张洪雨^{1,2}, 孟迪^{1,2}, 张继星^{1,2,3,*}, 王晓宇^{1,2,3,*}

(1 内蒙古民族大学 生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽; 2 内蒙古民族大学 科尔沁植物逆境生物学研究所, 内蒙古 通辽; 3 内蒙古自治区高校蓖麻产业工程技术研究中心, 内蒙古自治区蓖麻育种重点实验室, 内蒙古自治区蓖麻产业协同创新培育中心, 内蒙古 通辽)

摘要: 氯离子通道蛋白在植物耐盐机制中起着非常重要的作用。本研究设计特异性引物, 利用PCR技术进行体外扩增, 将得到蓖麻的CLC基因开放阅读框序列, 其大小为2383 bp, 并命名该基因序列为RcCLC。用生物信息学分析方法对该基因序列进行分析, 结果显示该基因序列可编码775个氨基酸, 其编码的蛋白分子量为85.1 kD, 等电点为6.97, 含有11个跨膜结构, 属于疏水性蛋白; 蓖麻RcCLC编码的蛋白含有氯离子通道蛋白的保守区, 推测其属于氯离子通道蛋白基因CLC家族; 利用DNAMAN软件分析蓖麻RcCLC氨基酸序列与麻疯树、巴西橡胶树、辣椒和核桃等氨基酸序列的同源性并构建系统进化树, 结果显示同源性分别为81%、90%、94%、97%, 与核桃基因的同源性最高, 与麻疯树和巴西橡胶树的亲缘关系最近。近10年以来关于氯离子通道蛋白的报道屡见不鲜, 保守区预测结果显示本研究分离得到的RcCLC基因属于CLC基因超级家族。拟南芥作为模式植物之一, 已经清楚的了解其遗传背景, 前人将玉米与拟南芥的CLC家族基因进行对比, 可以初步判断玉米CLC家族各基因负担着植物体内运输阴离子的作用; 前人根据大豆基因组CLC同源基因家族的生物信息学分析, 预测GmCLC1蛋白和GmsCLC1蛋白具有完全一致的跨膜区、CBS结构域和高度氨基酸保守区等, 故此推测在盐胁迫下表达增强的基因, 可能参与盐胁迫的调控; 此外, 还有人通过对油菜氯离子通道的研究, 初步分析发现AtCLC-c的缺失突变体clcc耐盐性显著低于对照野生型, 其根长仅为野生型的66%, 且植株生长滞后, 表明该基因产物在盐胁迫和生长中的正调控作用。因此, 在蓖麻基因的研究中, RcCLC基因在蓖麻的盐胁迫调控中可能发挥着重要的作用, 负责着阴离子的运输, 尤其是氯离子。本研究为进一步明确蓖麻耐盐调控机制奠定基础。

关键词: 蓖麻; 通道蛋白; 基因克隆; 序列分析

蓖麻生长素响应因子原核表达载体构建及功能分析

王双¹, 闫星伊², 赵秀平¹, 段强¹, 张帅²

(1 内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 2 内蒙古民族大学农学院)

摘要:蓖麻是世界十大油料作物之一,具有较高的经济价值。矮秆蓖麻种植空间小具有节水,抗旱,抗倒伏,易于实现机械化收割等优势,对推动我国蓖麻产业的机械化发展有重要意义。通过挖掘蓖麻矮化相关基因、了解蓖麻矮化机制等分子手段培育抗倒伏、易收割的矮秆蓖麻新品种。

生长素响应因子(auxin response factors, ARFs)是影响植物从胚胎发生到衰老等一系列发育过程的关键转录因子,通过与生长素响应基因启动子区域的生长素响应元件特异性结合,激活或阻遏生长素基因的表达。生长素响应因子在植物维管组织形成、子叶发育、叶片衰老、花发育与果实成熟等过程中均存在调控作用[6-7]。本课题组在蓖麻中共鉴定出 18 个 ARF 成员,其中 ARF3、ARF12、ARF16 在矮秆蓖麻中高表达,推测这三个转录因子参与蓖麻矮化进程,但具体作用机制尚不明确。

本研究对蓖 ARF3, ARF12cARF16 蛋白进行生物信息学分析。氨基酸序列预测:<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>; 功能域分析:<http://www.ebi.ac.uk/Tools/pfa/ipscan5/>; 磷酸化位点分析:<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetPhos/>; 跨膜结构分析:<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>; 二级结构分析:<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>; 可溶性分析:<http://www.biotech.ou.edu/>; 稀有密码子分析:<https://people.mbi.ucla.edu/sumchan/caltor.html>。最后根据大肠杆菌密码子偏爱性优化合成并重新命名为 RcARF3, RcARF12, RcARF16。构建原核表达载体 pETM10-RcARFs, pETM20-RcARFs, pETM30-RcARFs, pETM40-RcARFs, pETM50-RcARFs, pGEX-4T-1-RcARFs, pET-SUMO-1b-RcARFs, pET-MBP-XE-RcARFs 以及真核表达载体 pPICZ- α -AM-RcARFs 和 pPICZ- α -GM-RcARFs, 分别转化至大肠杆菌表达系统和酵母表达系统,使用分步层析的方法尝试在体外制备重组蛋白来解决天然蛋白表达量低、纯化困难等问题,同时利用等温滴定量热法(Isothermal Titration Calorimetry, ITC)、表面等离子共振(Surface Plasmon Resonance, SPR)进行蛋白与核酸的互作分析,酵母单杂交技术(Yeast one-hybrid)验证 RcARFs 蛋白功能。本研究为探索生长素响应因子在蓖麻矮化中作用的分子机制,为培育具有优良性状的矮秆蓖麻新品种提供一定的理论基础与实践依据。

关键词:蓖麻,生长素响应因子,表达纯化,功能验证

蓖麻种子萌发期抗旱相关基因的筛选及功能鉴定

温琦

(内蒙古民族大学 内蒙古 通辽)

摘要:植物由于不能移动,它们只能固定在原始的生长环境中。因此,它们在整个生长和发育过程中会受到各种非生物环境胁迫的影响,如盐渍,湿涝,高温,低温,重金属离子和干旱等。其中干旱是影响植物正常生长发育和限制作物产量的主要非生物胁迫之一,干旱会影响植物的生长、发育和繁殖等生命活动,同时也是被研究的最多的逆境因子之一。当土壤中的水分不能满足植物生长所需时,就会形成干旱,植物在受到干旱胁迫时,它们可以通过细胞对干旱信号的感知和传递来调节基因表达并产生新的蛋白质,从而引起大量的形态学,生理学和生物化学变化。因此,对于干旱胁迫的研究应该引起我们的高度重视。长期以来,国内外的研究者已经从植物应对干旱胁迫的不同层次及不同方面开展了细致深入的研究。目前很多文章对于干旱胁迫下植物的生理生化指标和植物激素,以及相关抗性基因和相关蛋白的变化等多个方面进行了阐述,这都为耐旱品种的研究及抗性植株的培育提供了理论参考依据。

关于研究的材料蓖麻,其种植历史悠久,是双子叶一年生或多年生草本植物,是世界十大油料作物之一,为大戟科蓖麻属植物,具有很高的经济价值和使用价值,在众多领域中起着不可或缺的作用。同时蓖麻是内蒙古地区极具区域特色的油料作物,在内蒙古地区经济和社会发展中占有重要地位,其中通辽市在蓖麻研究方面处于世界领先水平。本实验以当地特色蓖麻品系为实验材料,用不同浓度的PEG6000模拟不同程度的干旱胁迫对蓖麻种子进行处理,对其取材并进行生理学研究,同时进行代谢组学和蛋白质组学联合分析,最终确定抗旱相关基因。通过构建表达载体及转基因技术,获得过表达和回补表达转基因拟南芥植株,并与野生型植株和缺失突变体植株进行比较,以鉴定筛选基因的功能。该试验为蓖麻耐旱品种的培育奠定基础,对研究其它作物的抗旱机制具有重要的指导意义。

关键词:蓖麻;干旱;代谢组学;蛋白质组学

利用转录组技术挖掘蓖麻中除草剂解毒相关基因

闫星伊¹, 王双², 赵秀平², 段强², 张帅¹

(1 内蒙古民族大学农学院, 通辽 内蒙古; 2 内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 通辽 内蒙古)

摘要: 蓖麻, 是世界十大油料作物之一。蓖麻油及其衍生物是一种重要的化工原料, 广泛地应用于纺织工业、医药制造业等高技术领域。虽然蓖麻是一种喜高温、耐旱, 对环境适应性强的作物, 但草害仍然威胁着蓖麻的产量。因此我们利用磺酰脲类除草剂——砜嘧磺隆, 对蓖麻处理后, 利用 RNA-Seq 技术挖掘到蓖麻除草剂解毒相关基因。已有研究, 蓖麻抗除草剂与很多代谢通路和重要氨基酸的合成途径密切相关。与大豆、油菜等油料作物相比, 蓖麻分子生物学研究相对落后。目前关于蓖麻对于除草剂抗性的研究以及抗性机理的报道较少。因此, 通过对现有蓖麻抗性品种进行转录组分析, 可挖掘得到功能基因和分析除草剂在蓖麻中代谢通路, 为蓖麻抗除草剂的新品种选育提供分子基础。目前转录组中挖掘到了 1534 个差异基因, 其中上调差异基因 894 个, 640 个下调基因。其中包括 15 个过氧化物酶、12 个谷胱甘肽 S-转移酶、2 个细胞色素 P450、4 个转氨酶等, 共富集到 9 个 KEGG 通路中, 分别是次生代谢产物的生物合成(rcu01110)、缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸降解(rcu00280)、代谢途径(rcu01100)、色氨酸代谢(rcu00380)、苯丙素生物合成(rcu00940)、淀粉和蔗糖代谢(rcu00500)、谷胱甘肽代谢(rcu00480)、 β -丙氨酸代谢(rcu00410)、碳代谢(rcu01200)。有趣的是, 在 1534 个差异基因中, 我们并没有发现乙酰乳酸合成酶基因(ALS)存在差异性。乙酰乳酸合酶(Acetyl-CoA carboxylase, ALS)是植物支链氨基酸(缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸)生物合成过程中具有关键作用的酶。磺酰脲类除草剂, 就是通过抑制 ALS 的活性, 导致支链氨基酸合成受阻, 进而影响蛋白质的合成。最终使植物组织失绿、黄化, 植株逐渐死亡来达到除草的目的, 因此对于 ALS 基因, 可能并不与除草剂解毒有关。因此我们认为植物中对于磺酰脲类除草剂的代谢方法是通过别的途径。例如, 谷胱甘肽(GSH)轭合代谢理论, 以及植物细胞色素 P450 催化代谢理论。有实验证明外源除草剂会刺激增加 GSH 含量以及提高谷胱甘肽转移酶(GST)的活性, 从而达到解毒效果。也有实验证明小麦幼苗 P450s 酶系催化绿磺隆和醚苯磺隆苯环第 5 位碳的羟基化反应, 以提高对除草剂的解毒能力。因此, 我们利用转基因技术来验证蓖麻中的谷胱甘肽 S-转移酶 GSTs 以及细胞色素 P450 是否与除草剂解毒有关。

关键词: 蓖麻, 抗除草剂, GST 酶, P450 酶

蓖麻抗重金属镉(Cd)相关基因的功能鉴定

赵慧博,赵永,温琦,梁啸天,尹明达,文艳鹏

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院,内蒙古 通辽 028000)

摘要:重金属对土壤的污染是日益严重的世界性问题,是人类活动以及地球上的火山爆发、酸雨等其他环境因素造成的结果。重金属排放到农田的浓度过高,这对农业来说是一个严重的问题,富含重金属的土壤往往结构差、微生物活性低、有机物含量低,结果导致土壤持水能力低。重金属镉(Cd)过度集中在土壤中会导致作物出现各种问题,如影响植物的光合作用、呼吸作用、能量转换、蛋白质合成及破坏植物氧化还原平衡、离子稳态等,结果造成植物产量低、品质差。此外,因为植物可以很容易地吸收重金属Cd,并在谷物中积累进入食物链,促进生物富集,进而影响人类和动物的健康。所以为了人类的健康发展,重金属Cd污染需要引起人们的广泛关注。

蓖麻(*Ricinus communis* L.)是内蒙古区域的油料作物,属大戟科,蓖麻属,为一年生或多年生草本植物,其根系强大、抗逆性强、适应性广,是具有重要生态经济价值的工业油料植物。研究表明蓖麻对重金属Cd有较强的吸附性以及耐受性。就目前来看,对重金属Cd胁迫下蓖麻生长发育影响的研究甚少、蓖麻参与重金属解毒的分子机制有待研究,所以需要进一步加大蓖麻参与重金属耐受方面的研究。本实验以蓖麻为材料,喷洒不同浓度重金属Cd溶液(0-4000mg/L),通过计算种子萌发率以及植株生长情况,确定影响蓖麻生长的关键重金属Cd浓度并对所处理蓖麻植株进行生理指标测定。

采用蛋白质组学和代谢组学联合分析方法筛选蓖麻抗重金属Cd基因,通过构建拟南芥缺失突变体回补表达载体和异源过表达载体,以野生型拟南芥和缺失突变体拟南芥为转基因材料,分别转入蓖麻抗重金属Cd基因,通过对野生型、缺失突变体、回补表达和过表达拟南芥植株进行生物学水平和分子水平比较验证分析确定蓖麻抗重金属Cd基因功能,为获得抗重金属Cd的蓖麻新材料以及重金属污染土壤修复奠定良好的基础。

关键词:蓖麻;重金属;生理生化指标;差异蛋白质组学;比较代谢组

蓖麻下胚轴再生体系的建立

赵秀平

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古, 通辽)

摘要:蓖麻 (*Ricinus communis* L.), 大戟科蓖麻属, 经济作物, 主要应用于工业领域、医学领域和农业领域。为解决蓖麻育种周期长, 工作量大等问题, 本课题组一直致力于蓖麻组织培养, 前期以蓖麻子叶节为外植体, 现阶段以蓖麻下胚轴为外植体, 尝试建立了蓖麻离体再生体系。试验方法如下, 将蓖麻种子去皮后先使用 75% 的酒精消毒 45s, 再使用 0.1% 升汞消毒 4min, 最后用无菌水清洗 4-5 次, 取胚接种于接种培养基: MS+30g/L 蔗糖+9g/L 琼脂+1mg/L 6-BA 中 25℃ 暗培养 5d。待胚长至嫩绿色时, 取下胚轴先于 MS+20g/L 蔗糖+9g/L 琼脂+0.2mg/L 6-BA 中预培养 2d 后移至芽诱导培养基 MS+20g/L 蔗糖+9g/L 琼脂+0.4mg/L 6-BA+0.01mg/L IAA 中。培养 2w 后将芽长为 1.5-2cm 左右的外植体移至生根培养基 1/2MS+20g/L 蔗糖+9g/L 琼脂+0.8mg/L IBA+0.5mg/L NAA 中。培养 10d 后将根长 2cm 左右的外植体移栽到蛭石:营养土:田园土=1:2:1 的混合土中生长。本研究生根率为 32%, 成活率约 80%, 培养周期约 31d, 成功建立了蓖麻下胚轴再生体系, 为蓖麻体外培养的研究奠定了理论与实践基础。

蓖麻茎秆花青素合成相关MYB转录因子的筛选与功能鉴定

韩雯毓

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古, 通辽)

摘要:【目的】蓖麻属大戟科一年生或多年生双子叶草本植物,是可再生生物能源的优质材料。花青素是属于酚类化合物中的类黄酮家族的天然色素,对植株体颜色的形成、提高植物的耐逆境胁迫能力有重要作用。进行蓖麻茎色调节基因的筛选与开发高抗蓖麻新种质对于蓖麻抗逆育种有重要意义,也为其他作物抗逆育种提供新的视角。【方法】本研究采用转录组测序技术,以红茎蓖麻(3921)与绿茎蓖麻(1101)杂交后的F2代极端个体的蓖麻叶片为材料进行测序,从中筛选了2个与蓖麻花青素合成相关的MYB转录因子基因RcMYB77与RcMYB114,并对这两个基因进行克隆、生物信息学分析、亚细胞定位分析与功能鉴定【结果】转录组结果显示,共鉴定到差异表达基因841个,其中上调表达差异基因343个,下调表达基因498个。对这些差异表达基因进行功能注释、GO分析与KEGG富集分析发现,富集基因最多的类别是生物过程类,其次是分子功能类,最少是细胞组分类;共有96个差异基因富集到代谢通路中,其中主要富集的代谢通路为苯丙烷类生物合成和苯丙氨酸代谢通路。进一步筛选到类黄酮生物合成途径相关基因84条,有11条基因在红茎与绿茎蓖麻间差异表达。从红茎蓖麻叶片中克隆获得了2个花青素合成相关的MYB转录因子基因,分别为与花青素含量正相关的RcMYB77和与花青素含量负相关的RcMYB114,两个基因完整的CDS序列长度分别为738bp、594bp,分别编码245和198个氨基酸,预测分子量27414.4kDa与47498.9kDa,等电点为6.4与5.2,属于R2R3-MYB转录因子,具有典型的MYB家族保守结构域以及功能结构域。亚细胞定位结果显示RcMYB77与RcMYB114蛋白均在细胞膜中表达。采用农杆菌介导的遗传转化法进行RcMYB77与RcMYB114过表达的遗传转化试验,遗传转化结果表明过表达的RcMYB77转基因蓖麻茎秆颜色没有呈现出明显变化,却出现叶片为红色的现象,过表达RcMYB77与RcMYB114的T2代拟南芥表型无明显变化。其他分子生物学鉴定有待进一步研究。【结论】蓖麻茎秆颜色与植株体内花青素含量有关,RcMYB77是调控蓖麻花青素合成的潜在候选基因。

关键词: 蓖麻;花青素;转录组;MYB

科尔沁地区传统发酵乳制品乳酸菌生物多样性研究

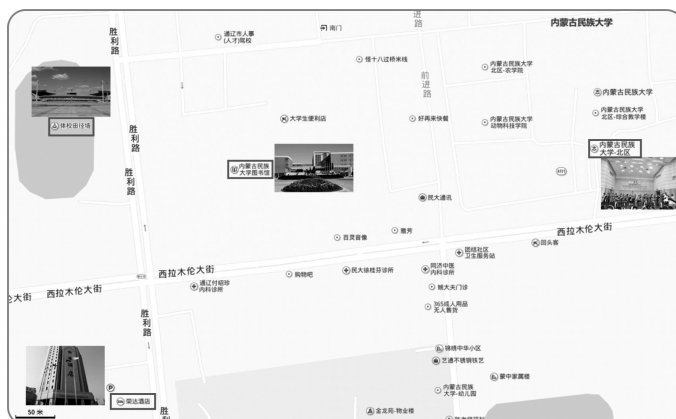
韩慧玲,赵家齐,冀照君*

(内蒙古民族大学生命科学与食品学院 内蒙古 通辽 028000)

摘要:科尔沁地区的奶豆腐、乌日莫等传统发酵制品具有悠久制作历史,极高的营养价值,其中乳酸菌、酵母菌等有益微生物通过发酵作用产生了独特的风味,具有重要的研究和应用价值。本实验对科尔沁地区传统奶豆腐、乌日莫中乳酸菌进行分离纯化,通过BLAST菌株16S rDNA进行分子鉴定,进而对乳酸菌的系统发育关系进行了研究。结果发现该地区传统发酵乳制品中生长有干酪乳杆菌、瑞士乳杆菌、类肠球菌、开菲尔乳杆菌、短乳杆菌5类乳酸菌,其中干酪乳杆菌和瑞士乳杆菌占有绝对优势。本研究的深入研究将为阐明科尔沁地区传统发酵乳制品中乳酸菌的生物多样性提供基础材料。

关键词:传统发酵乳制品,乳酸菌,16S rDNA,生物多样性

通辽市及内蒙古民族大学场馆位置图



会务组联系电话：

【秘书组】陈宇杰:15149974350;沈小仙:13666606799

【统筹组】裴志利:13604753002;田 迅:15894897171

