

喜迎党的二十大  
同心共筑中国梦

# 第三届全国“农业、健康、生态”整合生物信息学大会 暨乡村振兴发展论坛

2022年8月16-19日  
内蒙古·通辽

## 联合主办及协办单位

中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会  
内蒙古民族大学、浙江省生物信息学学会、江苏省生物信息学学会、内蒙古生物物理与生物信息学会  
内蒙古乡村振兴研究基地（东部）、江苏省现代作物生产协同创新中心、通辽市生物多样性保护协会

## 承办单位

内蒙古民族大学科技处  
生命科学与食品学院、文学与新闻传播学院、青年学者创新联盟、纳米创新研究院

## 支持单位

通辽市科学技术局、乡村振兴局、团市委

# 会议介绍

## 一、会议目的

为切实树立绿色发展理念，明确生态文明建设主题地位，进一步加大科技创新和技术推广，繁荣我国南北学术交流、推进交流合作，讨论乡村振兴的重大需求，促进大农业、大健康、生态文明发展，内蒙古民族大学联合中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会、浙江省生物信息学学会，并携手江苏省以及内蒙古自治区生物信息学学会，拟于2022年8月16-19日在通辽召开第三届全国“农业、健康与生态”整合生物信息学大会暨乡村振兴发展论坛、同时还将举行生物信息学教育教学研讨会、双碳与纳米新材料学术高峰论坛、研究生论坛等活动。欢迎您参加！

## 二、会议主题

会议就“大农业、大健康、生态绿色发展”，交流整合生物信息学研究方法、技术与应用的新进展；交流整合生物信息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；乡村振兴与绿色发展；双碳背景下的新能源与新材料等方向。

## 三、会议组织

大会名誉主席：陈永胜、赵东海

大会主席：陈铭、杨恒山

副主席：邓海腾、季星来、李宏、裴志利、宋晓峰、王勇

大会秘书长：吴玉峰

### 1、学术委员会

主任：孙之荣、罗辽复

副主任：陈英松、蔡禄、李前忠、孙啸

委员：陈欢、陈兴、代琦、丁维龙、樊龙江、高凯、高立志、郭宝英、郭俊明、郭维生、何华勤、贺平安、胡秀珍、黄金艳、李飞、李国婧、李健、廖奇、刘俊杰、刘景辉、刘庆坡、马闯、冉隆科、任仙文、邵朝纲、沈波、苏建忠、唐旭清、汪强虎、王俊、吴江鸿、肖瑞、邢永强、徐良德、徐建红、姚玉华、叶子弘、严小军、张红雨、张文广、张文羿、张子丁、赵怀、朱峰、朱平、左永春

秘书长：张贵军、姜伟、陈颖丽

## 2、组织委员会

主任：裴志利

副主任：白斯勤、李凤文、马艳宾、王振宇、田迅、刘景海

委员：巴图德力根、白海花、布仁巴图、鲍志炜、段莉梅、拉喜那木吉拉、李志刚、刘艳、马新军、郝青云、韩海山、姜静清、孙艳艳、魏成喜、杨景峰、张春生、张继星、张青山、张淑艳、张苏雅拉吐

秘书长：王振宇（兼）、丽春

副秘书长：冀照君、庄全、廖奇、王宏、蒋杭进

秘书组：尚丹、姜明洋、陈宇杰、王寅、徐雅楠、沈小仙

## 四、会议单位

会议联合主办及协办单位：中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会、内蒙古民族大学、浙江省生物信息学学会；江苏省生物信息学学会、内蒙古生物物理与生物信息学会，江苏省现代作物生产协同创新中心、内蒙古乡村振兴研究基地(东部)、通辽市生物多样性保护协会

承办单位：内蒙古民族大学科技处、生命科学与食品学院、文学与新闻传播学院、青年学者创新联盟、纳米创新研究院

协助单位：内蒙古民族大学农学院、动物科技学院、蒙医药学院、医学院、附属医院、化学与材料学院、数理学院、计算机科学与技术学院、生态文明与绿色发展研究院

支持单位：通辽市科学技术局、乡村振兴局、团市委



**第三届全国“农业、健康与生态”整合  
生物信息学大会暨乡村振兴发展论坛**

**第三届全国“农业、健康与生态”整合生物信息学大会暨乡村振兴发展论坛  
大会日程安排（初稿）**

时间		内 容	地点 (视疫情防控而定)
8月16日10:00-22:00		报到	通辽市荣达宾馆大堂、碧桂园酒店
8月16日14:30-17:30		研究生论坛（一）	图书馆小报告厅
8月17日7:30-9:00		报到	图书馆大报告厅
上午	9:00-9:30	<b>开幕式</b> 校领导、市局领导及嘉宾致辞	图书馆大报告厅 主持人： 裴志利 教授
	9:30-10:00	<b>集体合影</b>	图书馆
	10:00-10:30	报 告 人：杨恒山 教授（内蒙古民族大学） 报告题目：发挥学科优势，助力乡村振兴	图书馆大报告厅 主持人： 陈英松 教授 蔡 禄 教授
	10:30-11:00	报 告 人：谢海明 教授（东北师范大学） 报告题目：通过源网荷储建立绿电低碳固态电池产业园	
	11:00-11:30	报 告 人：王勇 研究员（中科院数学与系统科学研究院） 报告题目：反刍动物复杂性状的多组学解析方法	
	11:30-12:00	报 告 人：苏建忠 教授（温州医科大学） 报告题目：多组学大数据整合分析助力乳腺癌早期诊断	
中午	12:00-13:30	<b>午餐（自助）</b>	荣达宾馆自助餐厅
下午	14:30-17:30	<b>乡村振兴发展论坛暨驻村第一书记论坛</b>	图书馆小报告厅
	13:30-16:30	<b>整合生物信息学学术研讨会</b>	图书馆大报告厅
8月18日8:30-11:30		<b>生物信息学教育教学论坛</b>	学术报告厅
		<b>双碳与纳米新材料学术高峰论坛</b>	大创中心会议室
8月18日14:30-17:30		研究生论坛（二）	图书馆小报告厅

19日自由讨论交流，离会

## 乡村振兴发展论坛暨通辽市首届“驻村第一书记”论坛（8月17日下午）

召集人：王振宇、丽春

时间	内容	地点
14:00-14:30	签到	图书馆小报告厅 主持人：孙艳艳
14:30-14:45	开幕式：嘎查第一书记片子	
14:45-15:00	领导与嘉宾介绍&致辞 校外辅导员聘任仪式	
15:00-15:20	报告人：白斯勤（通辽市科技局） 报告题目：待定	
15:20-15:40	报告人：王振宇（内蒙古民族大学） 报告题目：倾力奉献乡村振兴 驻村路上“小云”相伴	
15:40-16:00	报告人：张瑞富（内蒙古民族大学） 报告题目：玉米浅埋滴灌技术的推广和应用	
16:00-16:20	报告人：丽春（内蒙古民族大学） 报告题目：通辽市乡村振兴工作的智慧力量——内蒙古民族大学青年学者创新联盟	
16:20-16:40	合影 & 茶歇	
16:40-16:50	报告人：魏孝男（科左中旗舍伯吐镇中章古台嘎查驻村第一书记、工作队队长）	图书馆小报告厅 主持人：王振宇
16:50-17:00	报告人：哈日呼（科左中旗花吐古拉镇韩家窝堡嘎查驻村工作队队长）	
17:00-17:10	报告人：车晓辙（奈曼旗八仙筒镇黎明村驻村第一书记、工作队队长）	
17:10-17:20	报告人：宋海龙（库伦旗库伦镇马家洼子村驻村第一书记、工作队队长）	
17:20-17:30	报告人：白俊胜（科左后旗努古斯台镇柴达木嘎查驻村第一书记、工作队队长）	
17:30-17:40	报告人：刘鹏（库伦旗水泉乡坤都岭村驻村第一书记、工作队队长）	
17:40-17:50	论坛总结、离会	

下午

“农业、健康、生态”整合生物学学术研讨会（8月17日下午）

召集人：吴玉峰、张贵军

时间	内 容	地点	
下午	13:30-13:50 报 告 人：左永春 教授（内蒙古大学） 报告题目：基于氨基酸约化的蛋白质结构和功能分析研究	图书馆大报告厅 主持人： 吴玉峰 教授 张贵军 教授	
	13:50-14:10 报 告 人：陈迪俊 副教授（南京大学） 报告题目：Mapping plant gene regulatory networks by integrating single cell transcriptomic data from Arabidopsis seedlings		
	14:10-14:30 报 告 人：周晓根 教授（浙江工业大学） 报告题目：Progressive assembly of multi-domain protein structures from cryo-EM density maps		
	14:30-14:50 报 告 人：原春晖 副教授（浙大城市学院） 报告题目：基于转录组学的骨关节炎分子分型研究		
	14:50-15:10	茶 歇	
	15:10-15:30 报 告 人：唐旭清 教授（江南大学） 报告题目：基于粒计算建模及其应用	图书馆大报告厅 主持人： 宋晓峰 教授 冉隆科 教授	
	15:30-15:50 报 告 人：胥川 副教授（上海交通大学） 报告题目：Gene product diversity: adaptive or not?		
	15:50-16:10 报 告 人：王先龙 教授（福建医科大学） 报告题目：基于多组学的造釉型颅咽管瘤突变图谱和分子分型研究		
16:10-16:30 报 告 人：金斯琴（通辽市委巡察办） 报告题目：草原最美神鸟——大鸨生活习性观察			

## 生物信息学教育教学研讨会（8月18日上午）

召集人：陈铭、陈宇杰

一、时间：2022年8月18日上午8:30;

二、地点：学术报告厅（转场）

三、参加人员：

1. 大会参会人员；
2. 高校生物信息学专业相关负责人或教学人员；
3. 科学出版社编辑部刘丹女士。

四、主要交流与讨论内容：

1. 生物信息学专业建设与发展情况（主持人：何华勤，福建农林大学）
2. 农业院校生物信息学专业实践教学（主持人：张子丁，中国农业大学）
3. 医学院校生物信息学专业实践教学（主持人：冉隆科，重庆医科大学、敖露，福建医科大学）
4. 生物信息学课程建设与教学改革（主持人：李明辉，苏州大学、邢永强，内蒙古科技大学）
5. 生物信息学（实验）教材建设与思政（主持人：原春晖，浙大城市学院）
6. 全国生物信息学教育创新联盟筹建情况（主持人：张红雨，华中农业大学）
7. 其他事项（机动）

首届“双碳与纳米新材料”学术高峰论坛（8月18日上午，线上&线下）

召集人：刘景海、庄全

时间	内容	地点	
上午	8:30-9:00	签到	
	9:00-9:15	开幕式：领导嘉宾介绍、致辞	
	9:15-9:35	报告人：张跃钢（清华大学） 报告题目：镁二次电池电解液设计及性能调控	大创中心会议室 主持人： 张军 教授 贾美林 教授
	9:35-9:55	报告人：牛志强（南开大学） 报告题目：水系可充锌电池材料与器件设计	
	9:55-10:15	报告人：白杰（内蒙古工业大学） 报告题目：新型纳米催化材料结构调控及性能研究	
	10:15-10:30	合影 & 茶歇	
	10:30-10:50	报告人：谷晓俊（内蒙古大学） 报告题目：过渡金属基单原子/纳米材料的设计合成及其在能源存储和转化中的应用	主持人： 詹传郎 教授 刘景顺 教授
	10:50-11:10	报告人：王勤（内蒙古大学） 报告题目：电催化纳米材料的结构调控	
11:10-11:30	报告人：刘景海（内蒙古民族大学） 报告题目：面向未来零碳技术的新材料探索		

注：线上腾讯会议号：265 490 534



## 研究生论坛（一）8月16日下午

召集人：许良、田迅

下午	14:30-14:45	报告人：周欣恺（南京大学） 报告题目：Systematic annotation of conservation states provides insights into regulatory regions in rice	图书馆小报告厅 主持人： 田迅 教授 包明兰 教授
	14:45-15:00	报告人：温滨鸿（内蒙古民族大学） 报告题目：Dkk 家族的分子进化及蛋白结构变异	
	15:00-15:15	报告人：李徽（上海交通大学） 报告题目：In search of beneficial circRNAs	
	15:15-15:30	报告人：孙梦迪（内蒙古民族大学） 报告题目：多组学策略揭示蓖麻抗冷的机制研究	
	15:30-15:45	报告人：孔梓屹（内蒙古民族大学） 报告题目：基于网络药理学对漏芦花改善慢性肾脏病的机制研究	
	15:45-16:00	报告人：风兰（内蒙古民族大学） 报告题目：基于网络药理学与转录组学的如达-6 抗胃溃疡作用机制	
	16:00-16:15	报告人：晁好瑜（浙江大学） 报告题目：RiceNetDB: 水稻多组学整合分析及可视化平台	
	16:15-16:30	<b>茶 歇</b>	
	16:30-16:45	报告人：赵丽娟（内蒙古民族大学） 报告题目：蒙古族高甘油三酯血症的全基因组重测序研究	主持人： 张继星 教授 李国瑞 副教授
	16:45-17:00	报告人：祝涛（南京大学） 报告题目：ChIP-Hub Provides an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome	
	17:00-17:15	报告人：阿拉坦存布尔（内蒙古民族大学） 报告题目：濒危蒙药植物手参内生真菌及群落特征研究	
	17:15-17:30	报告人：侯亚星（内蒙古民族大学） 报告题目：蒙药泡囊草及其炮制品研究概况	
	17:30-17:45	报告人：彭春祥（浙江工业大学） 报告题目：多域蛋白质结构域分割及组装	
	17:45-18:00	报告人：张世龙（浙江大学） 报告题目：ATAC-DEA: 染色质开放性测序数据的差异峰分析及峰注释的可视化网页平台	

## 研究生论坛（二）8月18日下午

召集人：冀照君、李培贺

下午	14:30-14:42	报告人：于海娇 报告题目：深耕教育教学赓续绿色发展理念	图书馆小报告厅 主持人： 冀照君 教授 常杰 教授
	14:42-14:54	报告人：代牡丹 报告题目：内蒙古地区传统发酵乳中乳酸菌的分离、鉴定及发酵性能研究	
	14:54-15:06	报告人：鲍梦圆 报告题目：塞外红苹果果实营养成分和生物活性物质的研究	
	15:06-15:18	报告人：张春玲 报告题目：蓖麻 RcPDAT1-2 基因启动子的克隆及功能分析	
	15:18-15:30	报告人：张旭东 报告题目：不同热处理条件下血浆蛋白体外模拟消化研究	
	15:30-15:40	<b>茶歇</b>	
	15:40-15:52	报告人：石千卉 报告题目：长期恶劣环境导致根瘤菌丧失结瘤能力的机制研究	主持人： 杜立银 教授 王羽 教授
	15:52-16:04	报告人：白春梅 报告题目：1, 8 桉叶素, $\beta$ -石竹烯对于异丙肾上腺素诱导的心肌肥厚的协同保护作用及机制	
	16:04-16:16	报告人：兴安 报告题目：蒙药苏格木勒-3 汤通过 calumenin 调控心肌肥厚钙稳态失衡/抑制 ERS 机制研究	
	16:16-16:28	报告人：牛洁遥 报告题目：沙葱对肉鸡肠道菌群的影响	
	16:28-16:40	报告人：王卓 报告题目：猪囊尾蚴上转换发光诊断方法的建立	
	16:40-16:50	<b>茶歇</b>	
	16:50-17:02	报告人：徐均钊 报告题目：基于 SMRT 的舍饲肉用犊牛肠道菌群动态变化研究	主持人： 高凯 教授 陈宇杰 副教授
	17:02-17:14	报告人：杨学振 报告题目：西辽河平原玉米连作秸秆连年还田土壤有机碳固存特征的研究	
	17:14-17:26	报告人：丛龙丽 报告题目：磷肥下移对燕麦产量、光合特性及品质的影响	
	17:26-17:38	报告人：史铎 报告题目：加甜型糯玉米品系的主要农艺性状评价与综合分析	
	17:38-17:50	报告人：毛晨 报告题目：金属磷酸盐材料的制备与催化性能研究	
	17:50-18:02	报告人：孙雨婷 报告题目：蒙古黄芪总黄酮防治心肌炎的研究机制	
	18:02-18:15	报告人：程令通（郑州烟草研究院） 报告题目：烟草 lncRNA 编码小肽参与对植食性昆虫的防御反应	

8月19日 自由学术交流、生态考察、返程

# 复杂性状的多组学解析方法

王勇

中国科学院数学与系统科学研究院，北京，100190

摘要：整合多组学对生物的复杂性状进行研究，是中国科协 2022 年发布的 10 个对科学发展具有导向作用的前沿科学问题之一。拟以反刍动物的瘤胃的起源为例，介绍围绕该问题一些最近的工作，包括整合比较基因组学、比较转录组学、匹配的表观和转录组数据的方法 CNEReg，重建发育基因调控网络，系统解读反刍动物特异保守元件，揭示重要转录因子。

# 多组学大数据整合分析助力乳腺癌早期诊断

苏建忠

温州医科大学

摘要：乳腺癌是女性发病率最高的恶性肿瘤之一，早诊对乳腺癌治疗至关重要。乳腺癌发生与先天DNA遗传和后天表观遗传调控有着密切的关系，本研究从遗传和表观遗传两个角度，基于乳腺癌病人的家族遗传数据和循环肿瘤DNA甲基化等数据，利用深度学习算法开发计算模型，精确识别乳腺癌早期标记物，提高乳腺癌的预测准确性，并进行多中心验证，助力乳腺癌的早期诊断。

# 基于氨基酸约化的蛋白质结构和功能分析研究

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, 呼和浩特, 010070

Email: yczuo@imu.edu.cn

摘要: 蛋白质是细胞及整个生物体的遗传特性的直接体现者。蛋白质结构人工智能(AI)预测工具 AlphaFold 的发布解决了生物学领域 50 年来的重大科学挑战, 被两院院士评为 2020 年度世界十大科技进展之一, 被 Science 杂志列为 2021 国际十大科学突破榜首。AI 工具大大加快了人类健康监测、精准医学及新药研发进程, 也为草原家畜等大动物的蛋白质结构预测和功能解析研究提供了新的前沿技术。相对于其它生物大分子, 蛋白质分析具有更大的复杂性, 对于计算生物学家来说, 这常常会影响计算效率, 增加信息冗余与过度拟合的机会。对于实验生物学家来说, 这通常会影响蛋白质功能的解释、相互作用和生物学注释等。为了最小化上述弊端的影响, 理论上可以将具有相似生化性质和频率分布的 20 种天然氨基酸组成的字母表压缩为由更少氨基酸类别组成的约化氨基酸字母表, 进而简化蛋白质序列和结构分析, 这促使我们基于该理论研发出蛋白质分析平台 RaacFold。

RaacFold 利用 58 种约化方法及算法提取的 687 个约化氨基酸字母表, 研发出三种分析工具: ProteinAnalysis、AlignAnalysis 和 MultiAnalysis。ProteinAnalysis 和 AlignAnalysis 提供具有相似特性和简化特征的序列和结构, 有助于更清晰地识别分散在蛋白质结构中的功能区域, 以获取关键特征信息。进而简化人工蛋白的设计, 避免冗余信息。此外, MultiAnalysis 允许用户探索蛋白质结构和功能进化中的生物物理变异和保守性, 进而为识别和探索旁系同源物的非同源功能提供了重要信息。在 RaacFold 交互界面中, 支持用户对序列、结构、功能注释的实时编辑, 渲染和导出。该平

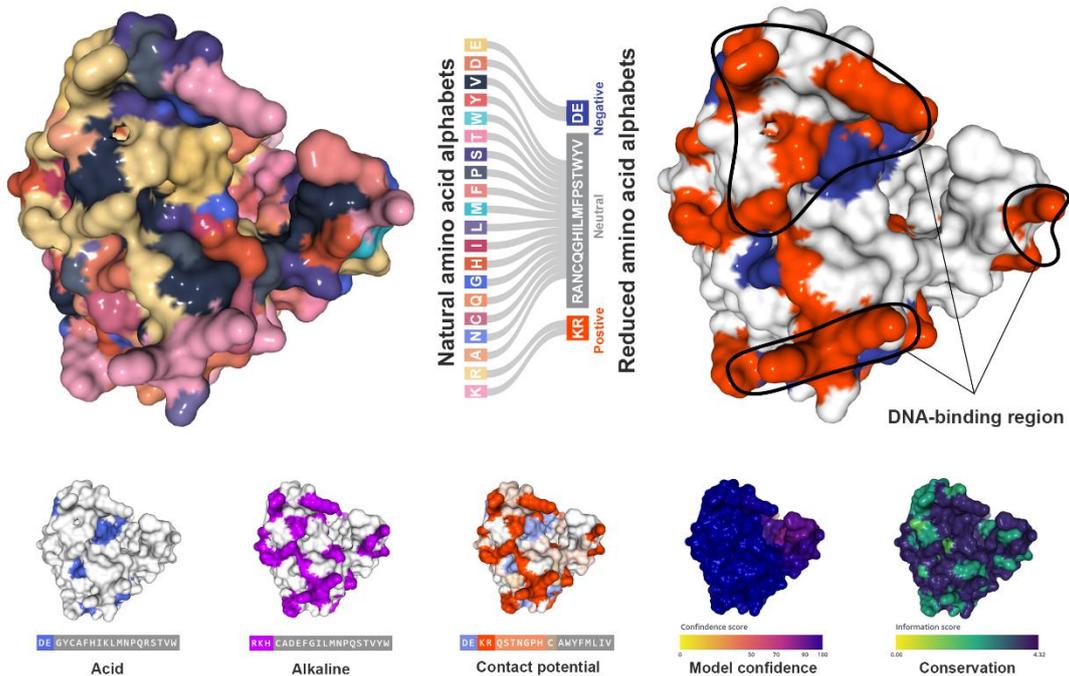
台提供四种视图模式：天然编码模式、约化编码模式、进化保守度模式、预测可信度模式。为了创建直观的蛋白质结构视觉效果，RaacFold 提供强大的 2D 和 3D 渲染性能，支持阴影、轮廓、粗糙度等细节渲染参数调节。同时支持不同的蛋白质结构显示层面，包括表面和体积（分子表面、高斯体积等）、二级结构（卡通、带状等）和原子（球棒、空间填充等）。

RaacFold 很好地解决了 AI 处理蛋白质序列、结构和功能分析中存在的特征维度高和冗余性问题，在降低蛋白质复杂性和捕获隐藏在噪声信号中的保守特征方面表现出众。对于计算和实验生物学家来说，它有可能成为蛋白质分析的一个重要组成部分，包括同源性检测、进化推理和功能预测。通过该平台可以为蛋白质作用机制等研究提供前瞻性理论，为发育进化等方面研究提供有力的指导作用，为蛋白质设计提供高效的分析平台。在该成果发表之前，左永春教授课题组已搭建了蛋白质序列氨基酸约化分析与特征提取平台 PseKRAAC (Bioinformatics. 2017; ESI 1% 全球高被引论文)、蛋白质氨基酸约化数据库 RaacBook (Database, 2019; 软著登记号 2019SR0467812)、蛋白质序列功能域的可视化分析平台 RaacLogo (Briefings in Bioinformatics. 2021; ESI 1% 全球高被引论文)。

本研究得到国家自然科学基金 (62061034, 62171241, 61861036, 62161039)、内蒙古自然科学基金杰出青年培育基金 (2017JQ04)、内蒙古关键技术攻关项目 (2021GG0398) 以及内蒙古青年科技英才 (NJYT-18-B01) 等项目的资助。

# RaacFold

A webserver for 3D visualization and analysis of protein structure by using reduced amino acid alphabets



## RaacFold 图形摘要

### 参考文献:

- Lei Zheng, Dongyang Liu, Yuan Alex Li, Siqi Yang, Yuchao Liang, Yongqiang Xing\* and Yongchun Zuo\*, RaacFold: a webserver for 3D visualization and analysis of protein structure by using reduced amino acid alphabets. *Nucleic Acids Research*, 2022, 50, W633-W638.
- Yongchun Zuo\*, Yuan Li, Yingli Chen, Guangpeng Li, Zhenhe Yan, Lei Yang. PseKRAAC: a flexible web server for generating pseudo K-tuple reduced amino acids composition. *Bioinformatics*, 2017, 33, 122-124.
- Lei Zheng, Dongyang Liu, Writu Yang, Lei Yang\*, Yongchun Zuo\*, RaacLogo: a new sequence logo generator by using reduced amino acid clusters, *Briefings in Bioinformatics*, 2021, 22(3):bbaa096
- Hao Wang, Pengfei Liang, Lei Zheng, ChunShen Long, HanShuang Li, Yongchun Zuo\*, eHSCPr discriminating the cell identity involved in endothelial to hematopoietic transition. *Bioinformatics*, 2021 37(15) 2157–2164.
- Lei Zheng, Shenghui Huang, Nengjiang, Mu, Haoyue, Zhang, Jiayu Zhang, Yu Chang, Lei Yang, Yongchun Zuo\*, RAACBook: a web server of reduced amino acid alphabet for sequence-dependent inference by using the Chou's 5-steps rule, *Database*, 2019, baz131.

# Mapping plant gene regulatory networks by integrating single cell transcriptomic data from Arabidopsis seedlings

陈迪俊

南京大学生命科学学院

## Abstract

Plant morphogenesis relies on precise gene expression programs at the proper time and position which is orchestrated by transcription factors (TFs) in intricate regulatory networks at a cell-type specific manner. Here we presented a reference single-cell transcriptomic atlas of Arabidopsis seedlings by comprehensive integration of 43 published scRNA-seq datasets from representative tissues as well as the entire under- and above-ground parts. We identified 32 distinct cell types or states, largely expanding our current view of plant cell compositions. We then mapped the developmental trajectory of root-shoot separation and identified differential gene expression programs that may regulate the cell fate determination of under- and above-ground organs. Lastly, we systematically constructed cell-type specific gene regulatory networks and uncovered key regulators that act in a coordination manner to control cell-type specific gene expression. Taken together, our study not only provides molecular insights into gene-regulatory programs of plant cell fate specification at a whole-organism level but also offers a valuable resource plant cell atlas exploration.

# Progressive assembly of multi-domain protein structures from cryo-EM density maps

周晓根

浙江工业大学

zxg@zjut.edu.cn

## Abstract

Progress in cryo-electron microscopy (cryo-EM) provided potentials for large-size protein structure determination. However, the success rate for solving multi-domain proteins remains low due to the difficulty in modeling inter-domain orientations. We developed DEMO-EM, an automatic method to assemble multi-domain structures from cryo-EM maps through a progressive structural refinement procedure combining rigid-body domain fitting and flexible assembly simulations with deep neural network inter-domain distance profiles. The method was tested on a large-scale benchmark set of proteins containing up to twelve continuous and discontinuous domains with medium-to-low-resolution density maps, where DEMO-EM produced models with correct inter-domain orientations (TM-score >0.5) for 97% of cases and significantly outperformed the state-of-the-art methods. DEMO-EM was applied to the SARS-CoV-2 coronavirus genome and generated models with average TM-score/RMSD of 0.97/1.3Å to the deposited structures. These results demonstrated an efficient pipeline that enables automated and reliable large-scale multi-domain protein structure modeling from cryo-EM maps.

# 基于转录组学的骨关节炎分子分型研究

原春晖

浙大城市学院

摘要：骨关节炎（Osteoarthritis, OA）是常见的慢性疾病，尤其好发于老年人群中。骨关节炎患者临床上的主要表现为关节疼痛、肿胀、僵硬，这导致患者活动受限，生活质量下降，给患者带来了极大的生活困扰。随着老龄化社会的到来，骨关节炎对家庭、社会的影响也越来越大。然而目前的治疗方法都是“一视同仁”的对症治疗，而在我国首批开展的临床软骨细胞移植治疗研究中发现，采用同样质控的处理细胞，在移植到患者破碎软骨后，病人的治疗效果差异很大。这表明细胞处于不同的生长环境，即OA患者的关节病理组成可能有很大的不同；因此研究骨关节炎患者的分子亚型是有效治疗骨关节炎的基础。本研究从临床多中心的大数据角度出发，收集了OA患者的关节置换的样本，对膝关节的软骨、下骨和滑膜进行的高通量多组织转录组测序。利用无监督的聚类分析，发现骨关节炎可以被分为四个亚型：糖原代谢紊乱型，胶原代谢紊乱型，感受神经元激活型和高炎症反应型；并发现每个亚型的免疫环境和组织互作也不同。

# 基于粒计算建模及其应用

唐旭清

江南大学理学院

摘要：在粒度计算理论和方法的基础上，本报告的提出了基于数据的结构建模方法和智能算法。同时，给出了三个应用的例子：应用 1-气候变化下物种分布预测与影响分析；应用 2-乳腺癌亚型异质性的分子标志探索；应用 3-多重数据的疾病蛋白质复合物标识。其目的在于发展一种新的基于数据驱动的结构信息挖掘智能计算方法和分析框架。

# Gene product diversity: adaptive or not?

胥川

上海交通大学 Bio-X 研究院

## Abstract

One gene does not equal one RNA or protein. The genomic revolution has revealed numerous RNA and protein molecules that can be produced from one gene, such as circular RNAs generated by back-splicing, proteins with residues mismatching the genomic encoding because of RNA editing, and proteins extended in the C-terminus via stop codon readthrough. Are these diverse products results of exquisite gene regulations or imprecise biological processes? While there are cases where the diversity in gene product appears beneficial, genome-scale patterns suggest that the majority of the diversity arises from nonadaptive, molecular errors. This finding has important implications for studying the functions of diverse gene products and for understanding the fundamental properties and evolution of cellular life.

**Keywords:** Molecular error, natural selection, transcription, translation, posttranscriptional modification

# 基于多组学的造釉型颅咽管瘤突变图谱和分子分型研究

王先龙

福建医科大学医学技术与工程学院生物信息学系

摘要：造釉型颅咽管瘤(ACP)是儿童鞍区最常见肿瘤，切除难度高，术后并发症多、生存质量低、易复发。*CTNNB1*突变为已知的驱动事件，但靶向该突变的药物开发难度大，尚无临床用药，亟需发展新的治疗方案。临床试验表明，干扰素 $\alpha$  (IFN $\alpha$ )等免疫调节疗法在囊性为主的肿瘤中疗效显著，但实性为主的效果不佳。课题组采用全外显子组、转录组和DNA甲基化组联合分析了100多例样本，发现ACP存在分子特征迥异的三类亚型，其发病年龄、病理和影像特征也存在显著差别，同时无复发生存时间与分型显著相关，不同亚型对免疫抑制剂治疗的预测效果亦显著不同。研究结果为ACP的分型诊断和精准治疗提供依据。

# **Systematic annotation of conservation states provides insights into regulatory regions in rice.**

周欣恺

南京大学

## **Abstract**

Plant genomes contain a large fraction of non-coding sequences. Discovery and annotation of conserved non-coding sequences (CNSs) in plants is an ongoing challenge. Here we report the application of comparative genomics to systematically identify CNSs in 50 well-annotated Gramineae genomes using rice (*Oryza sativa*) as the reference. We conduct multiple-way whole genome alignments to the rice genome. The rice genome is annotated as 20 conservation states (CSs) at single nucleotide resolution using a multivariate hidden Markov model (ConsHMM) based on the multiple-genome alignments. Different states show distinct enrichments for various genomic features and the conservation scores of CSs are highly correlated with the level of associated chromatin accessibility. We find that at least 33.5% of the rice genome is highly under selection with more than 70% of the sequence lying outside of coding regions. A catalog of 855,366 regulatory CNSs is generated and they significantly overlapped with putative active regulatory elements such as promoters, enhancers, and transcription factor binding sites. Collectively, our study provides a resource for studying functional non-coding regions of the rice genome and an evolutionary aspect of regulatory sequences in higher plants.

# ***Dkk* 家族的分子进化及蛋白结构变异**

温滨鸿

内蒙古民族大学动物科技学院，通辽，028000

摘要：*Dkk* 基因家族在多数情况下对 Wnt 信号通路有抑制作用，而 Wnt 信号通路能够参与皮肤及其附属物的发育和毛发生长的调控，为深入研究 *Dkk* 基因家族的结构和功能与脊椎动物表皮形态差异间的联系，本文通过对脊椎动物 *Dkk* 基因家族的核苷酸序列进行比较分析，同时对 *Dkk* 基因家族进行分子进化分析和蛋白质的三级结构预测。结果显示在物种分化后 *Dkk* 基因的进化速率发生了显著的变化，特别是鸟类和爬行动物的分支出现了加速进化，且在特定的位点发生了正选择。分析 *Dkk* 基因家族功能分化发现，各基因的功能分化系数大于 0，发现的功能分化位点多分布于 Cys-2 结构域内，极少数分布于 Cys-1 结构域内。因此推测这些受到正选择的氨基酸和功能分化位点可能会影响 *Dkk* 基因家族与 LRP5/6 结合，从而影响 Wnt 信号的抑制过程并使 *Dkk1*，*Dkk2*，*Dkk4* 在皮肤毛囊发育中呈现出不同的功能。另外，鸟类和爬行动物的 *Dkk* 基因家族可能发生了适应性进化，在功能上出现了分化。

# **In search of beneficial circRNAs**

李徵，胥川

上海交通大学 Bio-X 研究院，上海市闵行区东川路 800 号，200240

## **Abstract**

Circular RNAs (circRNAs) are a class of generally non-coding RNAs produced by back-splicing. Although most circRNAs are products of splicing errors and likely do not confer benefits, it does not preclude its occasionally important functions in a small number of cases. Finding the potentially tiny fraction of beneficial circRNAs from the sea of back-splicing errors is a difficult but important task. Here, we propose that highly expressed circRNAs with conserved splicing motifs, high back-splicing rate and the property violating the molecular error hypothesis tend to be beneficial. By comparing circRNAs between shared and unshared across species, and between experimentally validated circRNAs with others, we provide a set of evidence to support the hypothesis. This method is simple but useful, as it allows to predict beneficial circRNAs even only based on one single dataset, which is expected to widely promote the functional explorations of circRNAs.

## **KEYWORDS**

Beneficial circRNAs, molecular error, conserved motif, back-splicing level, back-splicing rate

# 多组学策略揭示蓖麻抗冷的机制研究

孙梦迪

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：低温是限制植物生长发育与作物产量的主要非生物胁迫之一。研究表明，热带及亚热带作物如玉米番茄等对低温尤其敏感，当温度稍低于其最适生长温度时，便会对生长发育产生影响。蓖麻属于大戟科草本作物，起源于热带及亚热带，是一种高油作物，具有极高的经济价值，广泛应用于我国医疗、化工、生物、航空航天等领域。内蒙古通辽地区是我国主要蓖麻产区，由于纬度高温度变化快，当温度低于 20℃时，蓖麻种子萌发到 43%，并且在苗期遭遇低温会导致蓖麻植株明显矮小，发育期迟缓，一直在初霜到来之际籽粒不能完全成熟。因此选育和创新蓖麻抗冷新种质、提高蓖麻单产，进而调动农民积极性，对当地经济发展具有重要意义。目前，蓖麻研究主要集中在诱变育种、杂交育种、抗性育种以及杂优利用方面。

# 基于网络药理学对漏芦花改善慢性肾脏病的机制研究

孔梓屹

内蒙古民族大学医学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**慢性肾脏病（chronic kidney disease, CKD）是肾组织损伤后肾单位结构受损，导致肾功能进行性下降，最终出现不可逆衰竭的疾病。漏芦花作为蒙古族传统药材，具有清心清热的功效，在以往的研究中已被证明具有良好的抗炎作用。本研究从网络药理学角度探讨蒙药漏芦花对肾脏的保护作用及其可能机制。我们利用 CTD、DisGeNET 和 GeneCards 三个数据库筛选慢性肾脏病相关疾病靶点，通过 TCMSP 数据库筛选出漏芦花中含有的活性成分和相关靶点，构建蛋白质相互作用网络和基因富集分析及分子对接。该技术可以预测作用机制。最后，基于体外实验，验证了网络药理学所预测的机制。结果通过筛选得出了 84 个对 CKD 具有潜在治疗作用的 LouLuFlower 基因靶点，经由富集分析得知这些靶点显著富集在 TGF 信号通路、JAK-STAT 通路等 107 条通路中，它们在功能上参与了 CKD 疾病的炎症反应为主的相关过程，分子对接结果显示漏芦花中活性化合物与相关靶点均具有较好结合能力。体外实验验证结果证明漏芦花可能通过阻断 JAK/STAT 信号通路的表达发挥其保护肾脏的作用。

# 基于网络药理学与转录组学的如达-6 抗胃溃疡作用机制

风兰

内蒙古民族大学蒙医药学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**研究背景：如达-6 是蒙医治疗胃肠疾病的经典复方之一，由木香等 6 味天然药材配合组成，具有开郁行气止痛等功效，临床上常用于治疗慢性胃炎、反流性食管炎，还可用于治疗胃溃疡。

**研究目的：**本研究旨在通过网络药理学研究方法和转录组测序(RNA-Seq)技术相结合，从现代分子生物学水平解析如达-6 防治胃溃疡的潜在有效成分、关键分子和药理机制。

**材料和方法：**利用 LC-MS/MS 分析如达-6 的化学成分，并在多个公共数据库中分别挖掘成分靶点和胃溃疡相关靶点，借助 Cytoscape 构建网络，预测如达-6 对胃溃疡的预防机制。此外，使用 RNA-Seq 技术评估如达-6 在吡啶美辛诱导的胃溃疡大鼠模型中的保护作用，以揭示如达-6 治疗胃溃疡的可能分子机制。

**结果：**网络药理学结果确定了如达-6 中的 16 种潜在活性成分和 812 个预测靶点，其中 87 个是与胃溃疡的共同靶点。根据 PPI 网络分析，PIK3CA、SRC、MAPK1、TP53 和 AKT1 为核心靶点。通路富集分析显示，共同靶点参与癌症途径、PI3K-Akt 信号通路、MAPK 信号通路和 IL-17 信号通路等通路的调节。体内实验表明，如达-6 显著改善胃粘膜损伤、降低溃疡指数、提高溃疡抑制率。RNA-Seq 结果显示，分别在 Ctrl（对照组）、GU（胃溃疡模型组）和 GU-RD6（如达-6 干预组）中有 2078、816 和 387 个差异表达基因。GO 和 KEGG 富集分析表明，如达-6 对胃溃疡的保护作用涉及许多生物学过程和信号通路，包括 PI3K-Akt 信号通路、MAPK 信号通路等，这与网络药理学预测的结果一致。

**结论：**鉴于网络药理学和 RNA-Seq 结果，如达-6 通过多成分-多靶点-多机制模式防治胃溃疡，这为如达-6 治疗胃肠疾病的进一步科学研究和临床应用提供了参考。

## RiceNetDB: 水稻多组学整合分析及可视化平台

晁好瑜, 倪清扬, 辛赛格, 张世龙, 陈铭\*

浙江大学生命科学学院, 生物信息学系, 杭州, 310058

**摘要:** 水稻 (*Oryza sativa*) 是世界上最重要的粮食作物之一, 也是基因组学研究中常见的模式植物。目前, 水稻的两个亚种, 籼稻 (Xian/Indica) 和粳稻 (Geng/Japonica) 的代表栽培种基因组已经完成测序, 并进行了精确的基因组结构与功能注释, 因此促进了水稻的多组学测序数据迅速增长, 包括三维基因组学 (如 ChIA-PET 和 Hi-C)、表观基因组学 (如 ChIP-seq、ATAC-seq、DNase-Seq、MNase-seq、FAIRE-seq、BS-seq、MeDIP-Seq 和 MRE-Seq)、转录组学 (如 ncRNA-seq 和 RNA-seq) 与单细胞组学 (如 scRNA-seq 和 scATAC-seq) 等, 多组学的研究极大的促进了水稻在分子层面的研究。然而, 对于许多缺乏生物信息分析技术或计算资源的研究者来说, 要充分对这些多组学数据进行挖掘仍然是一个巨大的挑战。因此, 我们构建了一个水稻多组学整合分析及可视化平台

RiceNetDB, 为研究者在水稻多组学领域的探索提供了全面且友好的交互式工具。目前, 我们搜集了 14,432 套原始测序数据, 涵盖了以上所涉及的水稻基因组学和转录组学数据集, 我们分别采用 MSU7.0 作为粳稻参考基因组; ZS97 作为籼稻参考基因组, 使用 ENCODE 标准化分析流程针对不同的数据类型进行重新分析, 采用 WashU epigenome browser、eFP Browser、Plotly.js 与 R 等可视化工具展现不同组织和物种中基因表达和调控的综合视图, 加强研究者对分子调控过程的理解。与此同时, 我们将所有流程统一封装为在线分析工具, 研究者可以提供 NCBI、EBI 和 GSA 中的 Run 编号直接进行在线分析。总而言之, RiceNetDB 为研究者提供了强大、方便、友好且全面的水稻多组学整合分析及可视化平台, 帮助从事水稻分子研究的工作者深入探索其中的机理, 并在实际育种与成产中发挥巨大作用。

**关键词:** 水稻, RiceNetDB, 多组学, 可视化, 在线分析

# 蒙古族高甘油三酯血症的全基因组重测序研究

赵丽娟

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：在本次“大农业、大健康、生态绿色发展”主题会议上，我作为遗传学在读研究生要跟大家分享的主题为蒙古族高甘油三酯血症的全基因组重测序研究。全基因组重测序是对已知基因组序列的物种进行不同个体的基因组测序，并在此基础上对个体或群体进行差异性分析，本研究设置了蒙古族高甘油三酯组和蒙古族正常对照组，每个样本通过构建全基因组文库，进行高通量测序，实现在全基因组水平上检测高甘油三酯血症关联的常见、低频、甚至是罕见的突变位点，以及结构变异等，具有重大的科研价值。

# ChIP-Hub Provides an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome

祝涛

南京大学

## 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, an integrative web-based platform in the ENCODE standards that bundles >10000 publicly available datasets reanalyzed from >40 plant species, allowing visualization and meta-analysis. We manually curate the datasets through assessing ~540 original publications and comprehensively evaluate their data quality. As a proof of concept, we extensively survey the co-association of different regulators and construct a hierarchical regulatory network under a broad developmental context. Furthermore, we show how our annotation allows to investigate the dynamic activity of tissue-specific regulatory elements (promoters and enhancers) and their underlying sequence grammar. Finally, we analyze the function and conservation of tissue-specific promoters, enhancers and chromatin states using comparative genomics approaches. Taken together, the ChIP-Hub platform and the analysis results provide rich resources for deep exploration of plant ENCODE.

# 濒危蒙药植物手参内生真菌及群落特征研究

阿拉坦存布尔，曹乌吉斯古楞

内蒙古民族大学蒙医药学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**目的：手参 *Gymnadenia conopsea* (L.) R. Br. 是一种濒危特色蒙药植物，内生真菌对手参生长发育等方面具有重要作用。分析手参内生真菌多样性、特征及分布，寻找优势真菌类群，为实现濒危植物手参与内生真菌共生培育及手参资源的可持续利用提供基础。方法：采用组织块培养法对内蒙古产区手参的不同器官（根、茎、叶、花和种）的内生真菌进行分离，根据菌株的形态学特征和 ITS 测序进行鉴定，并结合文献研究与其他产区手参内生真菌进行比较。结果：从内蒙古产手参不同器官中共分离得到 84 株内生真菌，隶属于 2 门，7 纲，9 目，9 科，12 属，23 种，其中 22 种是首次从该植物分离得到；木霉属 *Trichoderma*（21.7%）和链格孢 *Alternaria*（17.4%）为优势菌群。本产区手参的不同器官中内生真菌丰富度依次为：根 > 茎 > 叶 > 花 > 种。与其他产区进行比较，手参内生真菌丰富度以此为：西藏 > 北京 > 内蒙古 > 吉林 > 河北。结论：内生真菌的多样性与宿主植物手参地理分布具有一定的相关性。内蒙古产手参的内生真菌与其他地区明显不同。该研究不仅丰富了手参内生真菌资源，也为今后探索手参植物生长特性、人工培育及其代谢物研究提供重要科学依据。

# 蒙药泡囊草及其炮制品研究概况

侯亚星

内蒙古民族大学蒙医药学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：泡囊草为茄科植物泡囊草(*Physochlaina physaloides* G. Don) 的干燥根或全草，主产于呼伦贝尔盟、锡林郭勒盟、乌兰察布盟等。蒙药名为混一浩日素，查干一汤普荣。始载于蒙医药经典著作《无误蒙药鉴》中，后在《认药白晶鉴》、《中国中药草汇编》、《中药大辞典》和《中华本草》也有记载。1998 年被收载中华人民共和国卫生部药品标准(蒙药分册)，具有杀粘，消肿，杀虫，解痉，镇痛，清协日乌素，壮阳之功能。本品有毒，不宜多服、久服。因本品有毒需要炮制后使用，蒙医常用奶制法和制膏法。我们选用蒙医常用炮制方法奶制法炮制后的泡囊草与其生品进行了一些研究。

我们通过 HPLC 法测定六个地区泡囊草生品、奶制品中山莨菪碱、莨菪碱及东莨菪碱的含量。山莨菪碱在  $1.13-3.39 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$  内与色谱峰面积呈良好的线性关系 ( $r=0.9991$ )，平均加样回收率为 97.21%，RSD 为 1.46%；莨菪碱在  $1.34-4.02 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$  内与色谱峰面积呈良好的线性关系 ( $r=0.9994$ )，平均加样回收率为 96.31%，RSD 为 0.97%；东莨菪碱在  $1.63-4.89 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$  内与色谱峰面积呈良好的线性关系 ( $r=0.9994$ )，平均加样回收率为 98.52%，RSD 为 0.83%。该测定方法，主峰分离效果明显，方法简便，重复性好，可作为泡囊草中山莨菪碱、莨菪碱、东莨菪碱含量的测定方法。

蒙药“六味”是蒙药的重要性质，概括为甘、酸、咸、苦、辛、涩味。这些味觉是五元在药物形成过程中，经过复杂作用而形成的。蒙药的“六味”不仅是药材本身的滋味也是蒙药功效和性质的高度概括。苦味药性是由水和气元素产生，具有寒、轻、钝、糙等基本特性，具有清热，解毒，止渴，消肿，燥腻消脂外还可能具有增强胃肠动力功能。人们对产生苦味物质基础基本达成一致，即公认为是生物碱，苷类等苦味化合物。我们通

过电子舌技术知道牛奶制泡囊草的苦味高于生药。泡囊草具有“杀黏”、消肿的作用，而苦味具有消肿破痞作用，临床上牛奶制品入红花秘决十三味散用于血“希拉”性头痛，偏头痛，亚玛病，脑刺痛。由此可见，泡囊草不同炮制品的药效与药味变化之间可能存在一定的相关性。

所以我们团队对泡囊草生品以及其奶制品进行了镇痛相关药理作用研究。为了探究蒙药泡囊草通过脑肠轴调控大鼠偏头痛的作用机制，以泡囊草为研究对象，用硝酸甘油造模建立偏头痛动物模型，实验分为对照组，模型组，头痛宁组阳性组（0.346g/kg）和蒙药泡囊草组（0.1284g/kg）。雄性大鼠偏头疼造模，阳性组和蒙药组按照 10ml/kg 灌胃给药，连续灌胃给药 22 天。ELISA 检测血清中 MDA、ET-1、NO、SOD、CGRP 的含量，检测脑组织中  $\beta$ -EP、ET-1、5-HT 的含量。通过 16s 测序对各组大鼠肠道菌群多样性进行分析。ELISA 检测结果显示血清中 MDA、ET-1、NO、和 CGRP 在模型组中含量显著升高，SOD 在各组中的含量呈现递减趋势。脑组织中 5-HT 在模型组中显著增加。在头痛宁组和蒙药泡囊草组中含量显著减少。菌群多样性分析发现模型组中 Verrucomicrobia 含量显著增加，头痛宁组中菌群多样性和数量低于其他 3 组。得到结论为蒙药泡囊草中含有镇痛和抗炎的成分，可以下调 MDA、NO、SOD、CGRP 和 ET-1 的含量，可以调节大鼠肠道菌群的多样性。

泡囊草收录于《中国珍稀濒危植物名录》、《国家重点保护野生药材物种名录》等文献书籍中。所以为保证临床用药和市场需求，避免用药和濒危动、植物保护的矛盾，积极寻找珍稀濒危药材替代品以扩大药源是十分迫切和必要的。所以我们团队进行了泡囊草及其替代品的研究。对泡囊草及其商陆、马尿泡进行了化学指纹图谱以及镇痛作用的药理研究均取得了良好的结果。在现有法规、政策基础上，切实有效地保护野生蒙药材资源，积极进行相应代用品的研究，深入开展蒙成药的二次开发，最终实现优良蒙成药的可持续性。

# 多域蛋白质结构域分割及组装

彭春祥

浙江工业大学

摘要：结构域通常被认为是蛋白质结构、折叠、功能、进化和设计的基本单位，结构域边界预测以及多域蛋白质高精度全链建模是蛋白质结构、功能研究重要问题之一。本报告主要介绍基于序列的蛋白质结构域边界分割算法 DomBpred 以及深度学习辅助下基于结构类似物的多域蛋白质结构域组装方法 SADA。DomBpred 首先基于构建的域级序列数据库，提出了一种有效的序列指标来判断输入序列的类别；对于多域蛋白质，设计了域-残基级的聚类算法来对蛋白质结构域进行分割。在给定的测试集中与其他主流 SOTA 方法的比较表明，DomBpred 达到并优于同类方法最新水平。DomBpred 服务器：<http://zhanglab-bioinf.com/DomBpred>。多域蛋白质结构域组装方法 SADA 首先根据输入的域模型预测域间残基的距离分布；然后，通过结构比对算法从构建的多域蛋白结构数据库（MPDB）中搜索结构类似模板，并产生初始模型；最后，在多域蛋白特定的力场约束下，采用二阶段差分进化算法对结构域进行组装，从而实现多域蛋白质的全链建模。在 356 个基准蛋白上，SADA 与主流的结构域组装方法进行了比较，SADA 组装的模型精度分别比 DEMO 和 AIDA 高 8.1% 和 27.0%。DomBpred 服务器：<http://zhanglab-bioinf.com/SADA>。

# ATAC-DEA: 染色质开放性测序数据的差异峰分析及峰注释的可视化网页平台

张世龙, 晁好瑜, 倪清扬, 辛赛格, 陈铭\*

浙江大学生命科学学院, 生物信息学系, 杭州, 310058

**摘要:** 染色质开放性测序技术 (Assay for Transposase Accessible Chromatin with high-throughput sequencing, ATAC-seq) 是一种近年来被广泛应用于表观基因组学研究的测序技术, 该测序技术能够识别染色质的开放区并帮助理解染色质开放性如何调控基因表达。但是, 对于缺乏编程经验和相关生物信息学技能训练的研究人员来说, 完全地探究和解释 ATAC-seq 数据的结果有一定难度。虽然现在已经有一些软件和网页能够帮助研究人员分析和可视化 ATAC-seq 的数据, 但是仍存在一些不足。ATAC-DEA (<http://www.atac-dea.xyz:3838/ATAC-DEA>) 是一个能够帮助研究人员分析 ATAC-seq 数据并将结果可视化的网页平台, 主要包括以下两种功能: ATAC-seq 数据的差异峰分析和峰注释。ATAC-DEA 使用 DiffBind 和 ChIPpeakAnno 包对 ATAC-seq 的数据进行处理和分析, 其主要有以下 5 个特性: (1) 基于网页服务器运行, 提供了易于使用的 UI 界面来帮助用户根据实验目的更好的探索数据和修改相关参数; (2) 可以将体积较大的原始数据文件集成为一个体积较小的输入文件, 减少数据上传和读取所用时间; (3) 具有丰富的可视化作图功能, 并提供相关结果的下载; (4) 提供多因素分析和可自定义的差异对比模型; (5) 可以自定义所要注释的峰的类型。基于以上的特性, ATAC-DEA 能够帮助没有编程经验的研究人员更好的探究和可视化 ATAC-seq 的结果。

## 深耕教育教学赓续绿色发展理念

于海娇

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**生物教学工作对于持续推动我国乡村农业的绿色发展、助力农业发展带动乡村振兴的影响是非常深远的，尤其是在普及深化生态文明建设、生态环境保护方面的认知、提高脱贫致富综合素质方面有很大的作用。本报告从实践教学为基础，以绿色发展为核心理念，以培养学生设计关于生产生活小发明、小创造为主要内容，提高学生的生态文明意识，为今后农业发展、乡村振兴工作培育可用人才。

**关键词：**生物教学；绿色发展；人才培养

# 传统发酵酸乳中乳酸菌的分离、鉴定及发酵性能研究

代牡兰

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：本研究以内蒙古传统发酵酸乳中分离的 2 株乳酸菌为研究对象，采用传统的细菌纯培养方法分离乳酸菌菌株，通过形态学特征及生理生化试验初步确定乳酸菌，在此基础上利用 16S rDNA 基因序列分析和系统发育树构建，对其种属进行分析鉴定，并对分离到的乳酸菌进行产酸能力和凝乳能力的检测。结果表明，分离得到的 2 株乳酸菌分别为植物乳杆菌（*Lactiplantibacillus plantarum*）和乳酸乳球菌（*Lactococcus lactis*），菌株 NMTB-5（*Lactiplantibacillus plantarum*）适应 pH 值范围为 4.42 ~ 4.43，酸度值范围为 123°T ~ 125°T，发酵 9h 后凝乳，且凝乳完整，组织均匀质地粘稠，未见乳清析出。菌株 NMTB-31（*Lactococcus lactis*）适应 pH 值范围为 4.48 ~ 4.50，酸度值范围为 125°T ~ 127°T，发酵 9.5h 后凝乳，凝乳较好，组织均匀粘稠，未见乳清析出。因此，分离到的 2 株乳酸菌产酸能力及凝乳能力较强，发酵条件和性能相近，可以作为制备混合发酵剂的候选菌种。

关键词：乳酸菌；分离鉴定；产酸能力；凝乳能力

# 海棠果植物生物活性成分及其药食同源研究进展

鲍梦圆

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**海棠是苹果属内果实直径较小，为野生半野生的一类植物的总称。海棠果植物的果实、叶片和花等器官富含脂类、糖类、维生素、蛋白质等多种营养成分和生物活性物质，具有抗氧化、抑菌、降血糖、抗肿瘤等作用，为典型药食同源植物。本文综述了海棠果植物中类黄酮、类胡萝卜素、酚类、单宁、多糖类等生物活性物质的研究进展，探讨海棠果中抗氧化成分物质，为海棠果功能性食品开发提供一定研究方向。

**关键词：**海棠果；药食同源植物；生物活性物质

# 蓖麻 RcPDAT1-2 基因启动子的克隆及功能分析

张春玲

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：植物转基因工程是作物遗传改良的重要手段与策略之一，启动子的灵活应用可以为外源基因的高效、特异性表达提供有效工具。人们利用不同类型的启动子驱动下游目的基因的表达，达到高效、稳定表达的目的。本研究以蓖麻油酸合成关键基因 RcPDAT1-2 基因启动子为研究对象，探究 RcPDAT1-2 的表达调控机制，以通蓖 5 号蓖麻品种为材料，分析 RcPDAT1-2 基因，克隆 RcPDAT1-2 启动子全长和缺失序列，通过拟南芥转化验证功能，分析 RcPDAT1-2 启动子活性。实验结果如下：

通过生物信息学分析 RcPDAT1-2 基因，结果表明：RcPDAT1-2 基因共编码 660 个氨基酸，所编码的蛋白质无信号肽，为非分泌蛋白，存在跨膜结构域，含有 2 个 LCAT 结构域。RcPDAT1-2 基因启动子顺式作用元件预测分析显示，启动子序列包含除了核心元件 TATA-box 和 CAAT-box，还含有多个光响应元件、激素响应元件、逆境胁迫诱导响应元件以及 MYB 转录因子的结合位点等；RcPDAT1-2 启动子全长的活性验证实验结果表明：成功克隆并构建 RcPDAT1-2 基因启动子全长表达载体 pCAMBIA1303-PDAT1-2 (1)，转化农杆菌菌株 GV3101，进行洋葱表皮细胞瞬时表达分析，RcPDAT1-2 启动子可以启动 GFP 基因在细胞膜和细胞核中表达，启动强度略高于 CaMV35S 启动子，RcPDAT1-2 启动子具有启动活性。

克隆 RcPDAT1-2 启动子缺失序列和拟南芥遗传转化实验结果表明：成

功克隆 7 个启动子缺失序列, 包括 5 个 5'缺失, 1 个 3'缺失序列和 1 个 5'、3'共缺失序列;成功构建 7 个 RcPDAT1-2 启动子缺失表达载体;以拟南芥为宿主材料, 通过拟南芥遗传转化检测缺失启动子活性, 获得 T3 代拟南芥转基因植株。对 T3 代转基因拟南芥的幼苗、花和果荚进行 GUS 染色分析, 除 RcPDAT1-2(5) 和 RcPDAT1-2(8)启动子外, 其它不同长度的 RcPDAT1-2 启动子都具有启动下游基因表达的活性, 在 RcPDAT1-2(5) 和 RcPDAT1-2 (8) 启动子中可能含有负调控元件, 需进一步分析验证。

RcPDAT1-2 启动子中干旱和低温响应元件验证实验结果表明:不同长度启动子其转基因植株的 GUS 酶活性不同, 处理不同时间, 转基因植株 GUS 酶活性也有所不同;MBS 干旱响应元件的活性验证中, 在 GUS 染色分析中, 没有产生蓝色沉淀的 RcPDAT1-2(8), 在干旱诱导条件下的 GUS 酶活性高于其它启动子酶活性, RcPDAT1-2(8)启动子受干旱胁迫的影响;RcPDAT1-2(1)、RcPDAT1-2(2)、RcPDAT1-2(3) 和 RcPDAT1-2(8) 启动子在不同处理时间出现了相同的变化趋势, 先升高再降低再升高的趋势, 且都在 48h GUS 酶活性达到最高, 启动子受 MBS 干旱响应元件的影响;对含 LTR 低温响应元件的 RcPDAT1-2(1)、RcPDAT1-2(2)、RcPDAT1-2(3)、RcPDAT1-2(4)和 RcPDAT1-2 (5) 启动子进行 4°C低温处理,在未诱导的 GUS 染色分析中, RcPDAT1-2(5) 没有产生蓝色沉淀, 经诱导后 RcPDAT1-2 (5)的 GUS 酶活性达到最高, RcPDAT1-2 (5)启动子受低温胁迫的影响;转基因植株 GUS 酶活性在五个启动子中不同处理时间出现了不同的变化趋势,但均在 4°C低温处理 24h 后出现 GUS 酶活性的升高,启动子受 LTR 低温响应元件的影响, 且其 GUS 酶活性还会随着处理时间的变化而不同。

**关键词:** 蓖麻;RcPDAT1-2 基因启动子;遗传转化;功能验证

# 不同热处理条件下血浆蛋白体外模拟消化研究

张旭东

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：****目的** 研究不同热处理条件下血浆蛋白的体外模拟消化特性及其蛋白质二级结构的变化规律。**方法** 采用胃蛋白酶对热处理后的血浆蛋白进行体外模拟消化，利用茚三酮法、SDS-PAGE 电泳、Zeta 电位及粒径、傅立叶变换红外光谱等表征血浆蛋白的水解程度及消化产物的结构特性。**结果** 热处理可使血浆蛋白消化产物水解度增加，90℃热处理时水解度达到最大值，热处理可产生更多的低分子量组分，消化降解更为完全。90℃热处理时血浆蛋白消化产物的粒径分布单一，聚集程度最高。70~90℃热处理组的红外光谱显示酰胺 I 带向低波数方向有不同程度红移，随着热处理程度的增加，血浆蛋白消化产物中  $\alpha$ -螺旋结构含量先增加后减少， $\beta$ -折叠结构含量总体降低。**结论** 热处理对血浆蛋白体外模拟消化均有一定的促进作用，从蛋白质变性的角度考虑，血浆蛋白的热处理强度不宜超过 90℃ 20 min。

**关键词：**羊血浆蛋白；体外模拟消化；二级结构

# 长期恶劣环境导致根瘤菌丧失结瘤能力的分子机制研究

石千卉

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：根瘤菌可与豆科锦鸡儿属植物建立高效共生固氮体系，为贫瘠沙漠地区发挥防风固沙、保持水土等作用提供了重要氮素营养保障，前期研究发现，长期营腐生生活在沙土中的根瘤菌将会以丧失与宿主植物的结瘤能力为代价来适应恶劣环境条件，这一分子机制正待深入研究。本实验选取锦鸡儿作为宿主植物，以出发菌株 *R.yanglingense* CCBAU01603 和实验进化菌株 Alk\_41 作为试验材料，借助遗传学手段在不同基因组背景下构建基因删除突变株以及相应的回补菌株。探究关键基因(*ygfZ*、*acrR*、*mdlB*) 在根瘤菌环境适应性及侵染、结瘤过程中产生的负面影响，明确关键基因对结瘤过程的调控作用。充分挖掘基因组上潜在的可调控结瘤过程的上位效应，揭示适应性进化过程中根瘤菌结瘤能力丧失的分子机制。为开展根瘤菌在不同土壤环境中如何维持高效共生固氮效率提供经验积累，对揭示自然界中根瘤菌生态分布规律具有重要意义。

关键词：根瘤菌；基因组进化；结瘤能力；分子机制

# 1, 8-桉叶素, $\beta$ -石竹烯对于异丙肾上腺素诱导的心肌肥厚的协同保护作用及机制

白春梅

内蒙古民族大学医学院, 内蒙古 通辽, 028000

摘要: 联合用药已成为治疗慢性代谢性疾病, 尤其是心血管疾病的有效策略。本研究筛选了 1, 8-桉叶素、 $\beta$ -石竹烯、芳樟醇和  $\beta$ -蒎烯 4 种药物组合, 探讨其抗心肌肥厚的作用机制。使用异丙肾上腺素刺激 H9c2 细胞后, 分别用 1, 8-桉叶素、 $\beta$ -石竹烯、芳樟醇和  $\beta$ -蒎烯单独或联合作用 24 h。用 MTT 比色法检测细胞存活率。随后, 应用生物信息学分析和网络药理学方法确定了联合用药对心肌肥厚的多靶点协同治疗作用。最后, 用蛋白免疫印迹和 ELISA 法分析蛋白在体内的表达情况。CalcuSyn 软件分析发现, 1, 8-桉叶素和  $\beta$ -石竹烯协同作用可提高细胞存活率。生物信息学和网络药理学分析表明, PTGS2、TNF、IL-6、AKT1、NOS2 和 CAT 为关键靶点。P13K-AKT 信号通路参与了 1, 8-桉叶素和  $\beta$ -石竹烯联合使用对心肌肥厚的保护作用。体内外实验结果表明, 该药通过 P13K-AKT 信号通路对异丙肾上腺素诱导的小鼠心肌结构和功能损伤有协同保护作用。总的来说, 1, 8-桉叶素和  $\beta$ -石竹烯的联合应用改善了异丙肾上腺素诱导的 H9c2 细胞和小鼠的心肌肥厚。

# 蒙药苏格木勒-3 汤通过 calumenin 调控心肌肥厚钙稳态失衡/ 抑制 ERS 机制研究

兴安

内蒙古民族大学医学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：本研究以传统的蒙医药理论为指导，采用现代分子生物学技术研究蒙药中“抑赫依”之良方即蒙药苏格木勒-3 汤对异丙肾上腺素（ISO）所致大鼠心肌肥厚的治疗效果，探讨内质网应激在 SD-3 治疗大鼠心肌肥厚过程中的作用机制。体内实验中，SD-3 能有效改善模型组大鼠心肌肥厚及组织溶解坏死现象，提高模型组大鼠心肌组织中 calumenin 蛋白的表达，增强大鼠心肌抗氧化能力并有效抑制内质网应激通路中的相关指标。

课题：内蒙古自治区科技规划项目（2021GG0279）

课题：国家自然科学基金（81860769）

# 沙葱对肉鸡肠道菌群的影响

牛洁遥 毛景东 东彦新 薛江东\*<sup>1</sup>

内蒙古民族大学动物科技学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**实验选取 1 日龄健康的青脚麻鸡雏鸡 76 只，随机分为 2 组，分别为对照组（CO，基础饲粮），沙葱组（AM1%组：基础饲粮+1%沙葱粉；AM2%组：基础饲粮+2%沙葱粉；AM4%组：基础饲粮+4%沙葱粉），试验期 50d。通过分析沙葱对生长和免疫功能结果后选取最适添加浓度组，以此为基础继续探讨沙葱对肉鸡肠道菌群的影响。结果表明：（1）肠道菌群：AM 组物种丰富度和多样性均高于 CO 组，PCA 分析中也证明了这一点。饲粮中添加沙葱粉后可以改变肠道内微生物的丰富度和多样性。物种分布在目水平中，AM 组 *Bacteroidales* 与 CO 组比增加了 7.82%。纲水平上，*Bacteroidia* 增长 7.8%。饲粮中添加沙葱粉可以调节青脚麻鸡肠道内微生物群落结构，改善物质运输条件，增加有益菌的丰度等。（2）肠道形态：十二指肠和回肠中，CO 组和 AM 组之间具有显著差异（ $P<0.05$ ），空肠无显著差异（ $P>0.05$ ）。AM 组的十二指肠、空肠和回肠绒毛高度（V， $\mu\text{m}$ ）和绒腺比（V/C）均高于 CO 组、隐窝高度（C， $\mu\text{m}$ ）低于 CO 组。综上，饲粮添加沙葱粉可显著提高青脚麻鸡免疫功能，改善肠道菌群，提高生产性能。

**关键词：**沙葱；肉鸡；肠道菌群

**Abstract:** In the experiment, 76 healthy 1-day-old chickens were randomly divided into

---

基金项目：国家自然科学基金项目（31660726）；内蒙古自治区自然科学基金项目（2018LH03016）

通讯作者：薛江东，E-mail: xuejiangdong@hotmail.com

control group (CO, basic diet) and scallion group (AM1% group: basic diet + 1% onion powder; AM2% group: basic diet + 2% onion powder and AM4% group: basic diet + 4% onion powder). The test period was 50d. To explore the effect of green onion, the effect of green green onion on the intestinal flora of broilers was continued. The results showed that: (1) intestinal flora: the species richness and diversity of AM group were higher than that of CO group, which was also proved by PCA analysis. Adding *Allium mongolicum* powder to the diet can change the richness and diversity of microorganisms in the gut. The species distribution in the order level increased by 7.82% in the AM group compared with the co group. At the class level, bacteroidia increased by 7.8%. Adding *Allium mongolicum* powder to the diet can regulate the microbial community structure in the gut of qingjiao Ma chicken, improve the material transportation conditions, and increase the abundance of beneficial bacteria. (2) Intestinal morphology: in duodenum and ileum, there was a significant difference between CO group and am group ( $P < 0.05$ ), and there was no significant difference in jejunum ( $P > 0.05$ ). The villi height of duodenum, jejunum and ileum in AM group ( $V, \mu m$ ) And the ratio of villous gland ( $V / C$ ) was higher than that of CO group and the height of crypt ( $C, \mu m$ ) Lower than co group. In conclusion, adding *Allium mongolicum* powder to the diet can significantly improve the immune function, improve the intestinal flora and improve the production performance of green foot Ma chicken.

**Key words:** Shallot; Broiler; Intestinal flora

# 猪囊尾蚴上转换发光诊断方法的建立

王卓

内蒙古民族大学动物科技学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**猪囊尾蚴病(*Cysticercoids cellulosa*), 又称囊虫病，一种广泛分布于发展中国家的人畜共患寄生虫病。一般由猪带绦虫(*Taenia solium*)的幼虫寄生在人或猪等中间宿主体内，从而引起该病的产生与传播。目前猪囊尾蚴病的诊断技术受敏感度低、有交叉反应、检测方法复杂、需要专业技术人员、缺乏特异性诊断抗原等诸多因素的影响，极大程度的提升了猪囊尾蚴病的诊断难度与成本。

本研究对 **TSOL18** 和 **GP50** 进行表达和纯化，并基于两种纯化的蛋白作为 **ELISA** 技术的包被抗原，建立猪囊尾蚴间接 **ELISA** 检测方法，同时优化该方法的每个反应条件。通过一系列实验研究，确定该方法在血清稀释 1000 倍的条件下，接近于 **cut off** 值，表明该检测技术有较高的灵敏度，且与亚洲带绦虫、弓形虫、华支睾吸虫和旋毛虫等阳性血清无交叉反应。由于所需样品量少且可实现批量检测，所以该检测方法适合大规模流行病学调查。

本研究使用 **UCP** 颗粒作为标记物，测试条作为免疫反应的固相载体，初步建立了应用于检测猪囊尾蚴病的上转发光免疫层析 (**UPT-LF**) 检测技术。该方法不仅稳定性强、敏感性高，而且结果可以长期保存。在样本稀释 1000 倍条件下，**T/C** 值仍大于 **cut off** 值，表明该试纸条具有很高的灵敏度。通过 **UPT-LF** 方法，可明显将猪囊尾蚴与亚洲带绦虫、弓形虫、华支睾吸虫和旋毛虫区分开，这表明该试纸条具有很高的特异性。试纸条可在 4℃条件下保存 6 个月，在室温下可保存 4 个月，表明该试纸条具有较好的稳定性。该检测方法具有成本低廉、操作简单、检测时间短、敏感度高、特异性强、稳定性良好等优点，为猪囊尾蚴病的检测和食品安全的监管提供了一定的参考价值。

**关键词：**猪囊尾蚴；**ELISA**；**UPT-LF**

# 基于 SMRT 的舍饲肉用犍牛肠道菌群动态变化研究

徐均钊

内蒙古民族大学动物科技学院，内蒙古 通辽，028000

摘要:本研究旨在探索舍饲西门塔尔杂交肉用犍牛肠道微生物多样性动态变化,为犍牛哺乳、过渡补饲、断奶期间的健康及犍牛肠道益生菌种质资源的开发提供参考。分别在第 1、3、7、14、21、35 和 42 d 收集犍牛的新鲜粪便,应用 Pacbio 单分子测序技术(Single Molecule Real Time Sequencing, SMRT)对舍饲肉用犍牛肠道细菌 16S rDNA 全场片段进行测序分析。结果表明,第 1 d 的优势菌属是大肠杆菌-志贺菌,随后显著下降。第 3-42 d 的优势属是乳杆菌属,但在第 7 d 补喂开食料后趋于减少,肠道菌群多样性增加。补喂开食料后,栖粪杆菌属、布劳特氏菌属的相对丰度显著增加。在种水平上,嗜淀粉乳杆菌、罗伊氏乳杆菌和未识别的乳杆菌在第 7 d 占优势。嗜淀粉乳杆菌是 14 和 21 日龄的优势菌。普氏栖粪杆菌在第 42 d 占优势。第 1 d 和第 3 d 大肠杆菌-志贺菌 O157H7 显著高于其他组 ( $P<0.05$ )。综上,从出生到补饲,犍牛肠道菌群的结构和优势种发生了很大的变化,这对探索犍牛从出生到补料肠道菌群的变化及筛选犍牛有益肠道细菌防治腹泻具有重要意义。

# 西辽河平原玉米连作秸秆连年还田土壤有机碳固存特征的研究

杨学振

内蒙古民族大学农学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：西辽河平原（42°18'-44°30' N，119°14'-123°42' E）位于内蒙古自治区东部，是我国为数不多的井灌玉米产区，玉米常年连作，年种植面积稳定在 1500 万亩以上，年产量占内蒙古自治区玉米总产量的近 1/3，是名副其实的“内蒙古粮仓”。但由于长期重用轻养，西辽河平原井灌区农田土壤有机碳活性和周转能力下降显著，土壤结构逐年恶化，耕地地力衰退明显。近年来，西辽河平原灌区大力推广以玉米秸秆还田为主的农田生物培肥措施，2015 年秸秆直接还田面积 56.8 万 hm<sup>2</sup>，占玉米播种面积的 47.7%。课题组调研结果显示，西辽河平原灌区玉米秸秆连年还田（还田年限≥1 年）地块约占玉米播种面积的 50% 以上，耕层土壤中碳素的周转量普遍相对较高。因此，研究玉米连作秸秆连年还田土壤物理性状与碳素的时空变化特征，探明玉米连作秸秆连年还田土壤碳素的固存特征及其影响因素，可为西辽河平原灌区耕地地力的提升提供理论基础和技术支撑。本试验以秸秆不还田为对照，设秸秆还田 3a、5a、7a 处理，系统地研究秸秆持续还田对耕层土壤物理性状、胞外酶活性、不同形态碳素和储量的影响，以期为西辽河平原耕地地力提升提供理论指导。

关键词：玉米；连作；秸秆还田；有机碳；固存

# 磷肥下移对燕麦产量、光合特性及品质的影响

丛龙丽

内蒙古民族大学农学院, 内蒙古 通辽, 028000

摘要: 在科学研究和生产实践过程中发现由于土壤中磷素移动性差、且多以表层或浅层方式施加, 深层根系无法充分吸收, 引起磷在土壤中垂直分布存在表层富集而下层不足分布特点, 致使磷肥利用效率降低, 造成土壤污染。基于此, 本文以燕麦为研究对象, 设置不同的施磷量和施磷深度, 通过对其产量、品质和光合特性的测定, 探讨磷肥对饲用燕麦产量、品质及光合特性的影响, 为燕麦科学肥料管理提供参考。结果表明: 生物量在 D15P15 处理条件下燕麦生物量达到最高, 其值为  $5084.48 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ ; 净光合速率、蒸腾速率、水分利用效率最大值分别出现在 D15P15、D20P10、D5P15, 其值分别为  $12.97 \mu\text{mol} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{s})^{-1}$ 、 $2.31 \text{ mol} \cdot (\text{m}^2 \cdot \text{s})^{-1}$ 、 $7.16 \mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ ; 叶、茎、穗的粗蛋白最大值分别出现在 D20P20、D20P20、D10P20 处理条件下, 其值分别为 27.31%、12.68%、24.52%; 叶、茎、穗的中性洗涤纤维含量最小值分别出现在 D20P0、D15P0、D10P0 处理条件下, 其值分别为 28.67%、47.96%、43.50%; 叶、茎、穗的酸性洗涤纤维含量最小值分别出现在 D20P0、D20P0、D10P0 处理条件下, 其值分别为 15.37%、30.60%、20.18%; 叶、茎、穗的粗脂肪最大值分别出现在 D10P15、D15P15、D15P15 处理条件下, 其值分别为 13.60%、10.10%、13.62%; 综合来看, 燕麦最佳施磷深度为 15cm、施磷量为  $306 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。

关键词: 磷肥下移; 燕麦; 产量; 光合特性; 品质

# 加甜型糯玉米品系的主要农艺性状评价与综合分析

史铎

内蒙古民族大学农学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要:**为了探究加甜型糯玉米主要农艺性状及产量的关系，筛选出综合表现优良的加甜型糯玉米品系，进而为今后甜糯玉米育种提供理论依据。本研究对 60 份加甜型糯玉米杂交组合的主要农艺性状和产量进行了变异分析、相关性分析、灰色关联度分析、主成分分析和聚类分析。结果表明秃尖长的变异系数最大，穗长的变异系数最小；相关性分析表明穗长和行粒数对产量的影响较大；灰色关联度分析结果表明行粒数和穗长与产量的关联度相对较大；主成分分析结果表明，13 个性状综合成五个因子，累计贡献率达 75.472%；通过聚类分析，将 60 份加甜型糯玉米杂交组合分为 3 类。通过综合分析挑选出 3 份优秀的加甜型糯玉米品系，这些材料将为选育高产优质加甜型糯玉米品种提供参考。

**关键词:**加甜型糯玉米；灰色关联度分析；主成分分析；聚类分析

# 金属膦酸盐材料的制备与催化性能研究

毛晨

内蒙古民族大学化学与材料学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：金属有机框架(MOFs)材料由于其多活性位点、高比表面积、结构可修饰、易于功能化而表现出突出的多相催化性能。这些特性赋予了 MOFs 催化剂在 CO<sub>2</sub> 化学固定领域独特的优越性。本次选择膦酸基团作为有机配体，按照一定的比例将配体与金属离子通过水热合成制备得到 MOF 材料，将 CO<sub>2</sub> 与环氧化物偶联合成环状碳酸酯是实现其资源化利用的重要方式之一。

# 蒙古黄芪总黄酮防治心肌炎的研究机制

孙雨婷

内蒙古民族大学医学院, 内蒙古 通辽, 028000

摘要: 心血管疾病 (Cardiovascular disease, CVD) 是一种严重威胁人类健康的常见疾病, 具有高患病率和高死亡率的特点, 而心肌炎则是 CVD 中常见的一种疾病。基于在前期实验证明蒙古黄芪总黄酮 (Total flavonoids of astragalus, TFA) 可以减低 CVB3 感染诱导的心肌炎症的基础上, 深入研究其防治心肌炎的作用机制, 为 TFA 的合理应用提供实验基础。本研究采用小鼠腹腔注射 5 mg/kg 脂多糖 (Lipopolysaccharide, LPS) 建立小鼠心肌炎模型, 12h 后给予 TFA 灌胃治疗。治疗 10 d 后, 心电图检测小鼠心电改变; 取小鼠血清, ELISA 检测炎性因子及肌酸激酶 (CK)、肌酸激酶同工酶 (CK-MB) 含量的变化; 取心脏组织 HE 染色观察小鼠的组织病理学变化情况; Masson 染色观察小鼠的心肌组织纤维化程度; Western Blot 检测小鼠心肌组织中的 SOCS1 及 TLR4/NF- $\kappa$ B 信号轴蛋白表达的变化。本研究发现, TFA 缓解心肌炎小鼠心律失常、改善心肌组织病理学变化; 上调 SOCS1 表达, 抑制 TLR4/NF- $\kappa$ B 信号通路, 从而降低小鼠的心肌炎症反应。

课题: 国家自然科学基金项目 (81960735, 82160958)

## 烟草 lncRNA 编码小肽参与对植食性昆虫的防御反应

程令通, 金静静, 孟利军, 曹培健\*

中国烟草总公司郑州烟草研究院, 国家烟草基因研究中心, 郑州, 450001

**摘要:**长链非编码 RNA (Long noncoding RNAs, lncRNAs)是植物多种生物过程的重要调节分子, 包括对病原体和植食性昆虫的防御。在许多物种中发现, 一些嵌入在 lncRNAs 中的小开放阅读框 (smORFs) 可以编码具有生物学功能的小肽 (small ORF-encoded peptides, SEPs)。然而, lncRNAs 是否介导防御植食性昆虫攻击, 以及这些 lncRNAs 编码的 SEPs 是否存在新的功能尚不清楚。通过烟草天蛾诱导处理, 并对处理后 6 个时间点的烟草叶片进行测序, 鉴定出 22,436 个 lncRNA, 其中 787 个差异表达。综合利用质谱 (MS) 分析技术, 从 115 个烟草 lncRNAs 中鉴定了 302 个新的 SEPs。其中, 61 个 SEPs 在烟草天蛾诱导处理后表现出差异表达。通过 3D 结构预测、亚细胞定位和 western blotting 对这些小肽进行了表征, 并通过生物信息学分析揭示了这些新 SEPs 的化学和物理特性, 这是迄今为止在植物中发现的最多的 SEPs。我们的研究不仅揭示了植物响应植食性昆虫攻击的潜在 lncRNA 调控因子, 而且为编码 SEP 的 lncRNA 的功能表征提供了资源。

**关键词:**长链非编码 RNA, SEP, 植食性昆虫, 质谱

# 利用基因工程技术创制高维生素 E 的荞麦新食材

张跃

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：维生素 E 是一种脂溶性维生素，分布在多种植物内，具有抗不育、抗氧化、抗癌等功能。人体日常所需的维生素 E 主要是通过植物类食物和药物来补充。荞麦作为唯一的药食两用作物，在我国有广泛的种植，其产品深受人们的喜爱。利用基因工程手段调控荞麦维生素 E 的合成途径以提高维生素 E 的含量，对于提高其营养价值具有重要的现实意义。维生素 E 起始于莽草酸途径中的酪氨酸，植物中酪氨酸途径主要有两条代谢通道，一条通过酪氨酸脱羧酶 (Tyrosine decarboxylase, TYDC) 生成酪胺，一条是维生素 E 的代谢途径。利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术对酪氨酸途径中的 TYDC 进行编辑，使更多的酪氨酸代谢流通往维生素 E 的途径，在利用转基因技术克隆并转化维生素 E 生物合成途径上的 2 个关键酶：酪氨酸转氨酶 (Tyrosine aminotransferase, TAT)、尿黑酸植基转移酶 (homogentisate phytyltransferase, HPT)，通过转化获得转基因荞麦，为后续进一步改良荞麦的维生素 E 合成途径，并提高维生素 E 的活性奠定了必要的前期基础。

关键词：荞麦；维生素 E；基因工程

# 中学生物信息学教学

荀砚

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：生物信息学教学是一种跨学科的活动，它补充和连接了生物学的多个领域，也可以作为科学的教育工具。2017 年版《普通高中生物学课程标准》在选修部分的三个方向的扩展模块之一“学业发展基础”提出对“生物信息学与人类基因组”模块的开设建议。而对比 2003 年颁布的《普通高中生物学课程标准》，对生物信息学相关内容是没有提及的。新课标对于该模块的总体目标是：对本模块内容的学习，可以让学生了解生物信息学和人类基因组的基本概况，让学生掌握 DNA 和蛋白质序列分析、蛋白质结构预测和系统发育树分析的基本原理和方法；教师在教学中要注意结合具体的案例进行分析，利用互联网上各种数据库中的数据，来阐明和理解大量生物数据所包含的生物学意义，并应用于解决生命科学研究和生物技术相关产业中的各种问题。

生物信息学是以计算机为工具，用数理及信息科学的理论和方法研究生命现象，对生物信息进行存储、检索、分析和整合的一门学科。其核心内容是基因组信息学，包括基因组(如人类基因组)信息的获取、处理、存储、分配和解读。基因组信息学的关键是“读懂”基因组的碱基顺序，包括全部基因在染色体上的确切位置以及各 DNA 片段的功能；同时测量这些基因的转录和翻译活动信息，以及进行蛋白质三维结构模拟和预测，然后依据特定蛋白质的功能进行药物设计等。

通过学习对生物信息学选修模块的学习可以让学生了解生物信息学和人类基因组的基本概况，让学生掌握基因组测序原理、DNA 和蛋白质序列分析、蛋白质结构预测和系统发育树分析的基本原理和方法。但是在实际教学中，有关将生物信息学与中学教学相融合的研究较少，教师可供参考的案例也寥寥无几，这使得教师在实际教学中面临一系列的研究困境。

关键词：生物信息学；教学；专题报告

# 芽苗菜栽培常见问题及解决方法

都日娜

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：本课题组通过分子生物学手段得到了富含维生素 E 的荞麦种子资源。本文综述了在培养荞麦芽苗菜中遇到的常见问题及如何利用富含维生素 E 的种子资源进行解决，为芽苗菜的大规模生产提供了理论依据。常见问题及解决方法如下：

1 烂种烂芽：芽苗菜的栽培过程中易发生烂种烂芽的现象，种子发芽后不久，当根很短时，胚轴上产生红斑，不再长须根，进而使豆芽发红腐烂。

预防措施：应该注意的是挑除瘪籽，破烂，霉烂及发过芽的种子。

2 芽苗纤细：光照不足、高温高湿会导致芽苗生长纤细，干旱、强光、生长期过长等会导致芽苗老化，口感变差。生产管理中合理控制环境温度、湿度及光照强度，可预防芽苗生长纤细。

3 芽苗长势不齐：芽苗长势不齐会影响其商品性。生产上宜选用纯度高、大小均匀的种子，合理控制环境温度、湿度、光照，苗盘摆放平整，及时倒盘，促进芽苗整齐生长。芽苗生长中后期出现烂根或长势不齐等现象，应提前采收上市。

4 伤芽：表现根长，颜色程糙米颜色，发脆易断，芽体出现水渍斑，在豆芽长至 2 厘米后，由于室温太低或者浇水过多，过频，芽菜达不到生长所需的正常温度，这种情况在冬天多件，生产中应注意提高室温和水温，减少浇水量芽苗菜 种植过程中对光照的要求。

5 芽苗不脱壳：若芽苗出现不脱壳现象，需多次喷雾软化种壳，可促进芽苗脱壳。

关键词：荞麦；芽苗菜；常见问题；解决方法

# 白刺的开发与利用

闫小杰

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：蒺藜科植物大多为盐生和耐盐植物，白刺属植物是极具典型蒺藜科植物，均为旱生型阳性植物，能适应高温低寒，不耐庇荫和积涝，自然生于盐渍化坡梗高地和泥质海滩丘垄型光板裸地上，耐盐力极强，几乎超过所有的海岸盐生植物。它们多自然分布于盐域、干燥、多风、瘠薄、植被稀少的严酷生境中，往往自成群落。白刺是我国西北荒漠地区重要建群种，具有明显的生态与药用价值。总结分析白刺植物分类、分布、主要化学成分及药理学作用等研究现状，探讨白刺植物资源开发利用过程中的问题，提出科学利用白刺植物资源的主要对策是构建白刺植物种质资源库、开展良种选育、逐步建立高质量原料标准化生产与高效利用技术平台等，以期今后有效开发利用该科植物提供参考。随着人们的绿化、美化意识的提高，白刺在盐碱地区绿化中的应用必将会得到重视和发展，白刺必将会成为盐碱地区绿化美化的新兴植物。并且随着人们生活条件的改善和生活质量的提高，国内外高血糖、高血脂、高血压、动脉硬化以及免疫功能低下人群逐年的增多，白刺资源特性及特色食品、保健食品和药品的发展前景将非常广阔。

关键词：白刺；开发利用；种质资源

# 蓖麻 *PLC2* 基因对蓖麻花序发育的影响

王志妍

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：蓖麻是重要的油料作物之一，具有极高的经济价值，花序发育是影响蓖麻单产的主要因素，因此蓖麻花序的研究对蓖麻产量的提高具有重要意义。研究表明 PLC 基因家族影响着花序的发育。为进一步确定蓖麻 PLC 基因家族中的 PLC2 基因在蓖麻花序发育中的功能，本实验预计对蓖麻进行同源过表达及同源敲除表达，来进一步验证 PLC2 基因的功能。此前对拟南芥的异源过表达的研究表明：对获得的 T3 代异源过表达拟南芥植株 AT-PLC2+ 进行生物学检测，结果表明 PLC2 基因的过表达可明显促进拟南芥的成熟、侧生苔的生长以及花朵、角果的发育，但拟南芥的基生叶、茎生叶的发育明显受到抑制；对异源过表达植株 AT-PLC2+ 进行蓖麻 PLC2 基因荧光定量 PCR 检测表明：野生型拟南芥植株不表达蓖麻 PLCs 家族基因，而蓖麻 PLC2 基因在过表达植株中的表达量明显上调。AT-PLC2+ 的统计学分析结果表明：与野生型拟南芥植株相比，过表达拟南芥植株 AT-PLC2+ 的根长显著增长；平均株高显著高于野生型植株；平均基生叶片数均显著少于野生型植株；平均茎生叶片数均显著少于野生型植株。本研究将进一步对蓖麻 PLC2 基因的功能进行研究，通过前期构建过表达及敲除表达载体，后期将两种载体进行蓖麻植株转基因，来进一步研究蓖麻 PLC2 基因在蓖麻花序发育中的功能。目前已成功构建过表达载体及敲除表达载体，即将进行蓖麻植株的遗传转化研究。

关键词：蓖麻，花序发育，转基因，基因表达

# 人类 MYC 基因 G4 链体的研究进展

潘海晨

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：在人类细胞中，核酸采用几种非典型结构来调节关键的细胞过程。其中通过鸟嘌呤自我识别形成堆叠的四分体而形成的 G-四链体 (G4) 结构，已有大量的生物物理和结构证据证明其在体外和细胞内的形成。众多的对 G4 功能的研究，阐述了 G4 的形成与基因组不稳定性和癌症等关键生物学过程关系密切，在疾病致病作用中发挥重要作用，包括癌症、神经系统疾病、贫血症等。研究表明，MYC 基因属于编码核蛋白的癌基因，MYC 基因家族及其产物可促进细胞增殖，永生，去分化和转化等，其在多种肿瘤形成过程中处于重要地位。MYC 基因中 G4 结构的研究一直是 G4 研究的热点，最近的一些研究表明，MYC 基因富含 GC，包含已知和推测的 G-四链体 (G4) 形成区域，而且 MYC 癌基因中 G4 的形成与 MYC 基因的表达与功能作用密切相关。因此，阐明 MYC 基因 G4 的结构特性、形成条件，探究其生物学作用与互作途径，为 G4 作为人类疾病治疗靶点的靶向策略提供了新的思路。

关键词：G-四链体；MYC 基因；基因调控；疾病治疗

# 紫苏鲜叶微酸性电解水联合超声波保鲜技术

白鸟日力嘎

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：紫苏鲜叶作为我国出口日本稀特菜品种之一，是一种高价值蔬菜和保健品，也是日本料理和韩国烧烤的主要调味品之一，在我国港澳台地区及日本、韩国、欧美等国十分畅销。紫苏鲜叶的保鲜期较短，还容易枯萎发黑，甚至光照都会变质，而且鲜紫苏叶非常容易破损，破损后加速变色变质。这就严重限制了紫苏叶的生产和销售，因此，在紫苏鲜叶的生产、运输、储藏过程中采用可行的且成本低廉的绿色生产和保鲜技术至关重要。目前，国内外紫苏的研究主要以提取活性物质（黄酮、迷迭香酸等）和功能性方面，鲜紫苏叶的保鲜技术研究报道较少。微酸性酸性电解水由于其广谱高效、杀菌效果显著、操作简单、成本低廉、安全无害，近几年来也受到了广泛关注，已成为一种应用广泛的新型杀菌剂，与传统杀菌剂次氯酸钠相比，微酸性酸性电解水可以更好地杀灭蔬菜表面的病原菌，而且无残留，微酸性酸性电解水已被广泛用于鲜切蔬菜的杀菌。超声波能够应用于果蔬的采后处理主要是由于其空化碰撞作用。超声波的冲击剥离效应，不仅可以减弱微生物生物膜的保护作用，而且可以起到乳化洗涤剂的作用，更有利于清洗消毒。目前未找到利用微酸性电解水或超声波技术应用于紫苏鲜叶的生产应用相关报道，尤其是微酸性电解水联合超声波技术应用于紫苏鲜叶属于国内外首创技术。该技术通过超声波清洗、微酸性电解水杀菌，具有投资少、无残留、安全、成本低廉、操作简单等特点。

关键字：紫苏鲜叶、微酸性电解水、超声波、保鲜

# 响应面法优化忽思慧牛肉脯配方的研究

单智超

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：为改善忽思慧药膳牛肉脯的口感，本研究采用响应面法对其配方进行优化。以《饮膳正要》中牛肉脯配方为基础，结合单因素试验的结果，以配方中新增的酱油、曲酒、姜汁、白糖等调料的添加量为自变量，将感官评分作为响应值，采用 Box-Behken 中心组合设计优化产品的配方，使用 Design Expert 8.05b 软件进行响应面法分析。结果表明，产品的最优配方为酱油的添加量为 3.17%，曲酒的添加量为 3.22%，姜汁的添加量为 7.92%，白糖的添加量为 7.32%。用此配方下，感官品分值达到了 86 分，四种因素对感官评分的影响顺序为姜汁>白糖>酱油>曲酒。本研究改善了药膳肉脯的可食用性，使其更易被消费者所接受，对提高产品的附加值，为其在经济市场中提高竞争力提供了有效指导。

关键词：响应面分析法；忽思慧牛肉脯；Box-Behken 设计；感官评分

# 高品质甘草生态种植高效菌剂制备及在啤酒中应用研究

李晴

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：甘草属豆科植物，它主要来源于光果甘草、胀果甘草、乌拉尔甘草的干燥根及根茎，是药食同源的中药材品种。甘草中活性物质具有极高药用价值，如甘草酸、甘草黄酮和甘草多糖等。甘草酸具有抗过敏、抗炎、肝脏保护、抗氧化、抑制肿瘤等多种活性。根瘤菌是一类普遍存在于土壤中的革兰氏阴性杆菌，可与豆科植物形成根瘤并固定空气中的氮气供植物营养的一类杆状细菌。这种共生固氮体系不仅可以提高植物的产量，还大幅降低了化肥对环境造成的巨大污染。甘草作为一种常用的豆科药食两用植物，其与根瘤菌共生关系的建立为甘草产量和品质的提高提供了可能。本研究利用高效根瘤菌来制备高效生物菌剂促进甘草的生长发育及甘草酸的合成，提升甘草中药材的品质和有效成分含量，为人类和畜禽健康提供更好的中蒙药材。最终使用这种高品质的甘草药材制备成一款富含甘草酸有效成分的啤酒，为喜爱喝酒的人群提供一款甘草新型啤酒产品。

关键词：甘草；甘草酸；根瘤菌；啤酒

# 牛乳腺炎粪肠球菌 *cy1A* 基因对牛外周血单核巨噬细胞完全吞噬功能的影响

王赞嘉

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：探索奶牛乳腺炎粪肠球菌 *cy1A* 基因对体外培养的单核巨噬细胞完全吞噬功能的影响。过体外培养牛外周血单核巨噬细胞(BMC-7)，利用牛乳腺炎粪肠球菌野生型菌株(BME1708)和 *cy1A* 基因敲除突变株(BME1708 $\Delta$ *cy1A*)按照不同时间梯度侵染牛外周血单核巨噬细胞，利用台酚蓝染色显微镜观察法，统计不同时间 BMC-7 对 BME1708 和 BME1708 $\Delta$ *cy1A* 的吞噬率和吞噬指数的差异。随着时间的延续，吞噬率和吞噬指数存在动态变化，至 48 h 时巨噬细胞对 BME1708 的吞噬率和吞噬指数分别为 25%和 2.3，而对 BME1708 $\Delta$ *cy1A* 的吞噬率和吞噬指数分别为 50%和 5.5。随着时间的进一步延续，巨噬细胞开始死亡。与 BME1708 相比较，BME1708 $\Delta$ *cy1A* 被巨噬细胞吞噬的相对较多，表明溶血素 *cy1A* 基因阳性的粪肠球菌菌株对巨噬细胞的吞噬作用具有一定的负调控作用，并且 BME1708 较 BME1708 $\Delta$ *cy1A* 在巨噬细胞内的存活率相对高，表明在单核巨噬细胞内存在一定的“内生”现象，这一现象可能是由该致病菌引起的牛乳腺炎常反复、难治的分子机制之一。

关键词：牛单核巨噬细胞；粪肠球菌；侵染实验

# 蒙古族高甘油三酯合并 2 型糖尿病人群的风险因素及其 IRS1 基因关联机制研究

武志凤

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：糖尿病是由胰岛素分泌异常和胰岛素活性异常所导致的一种代谢性疾病，此病会引起伴随糖、脂肪和蛋白质代谢紊乱的高血糖症状。本研究通过焦磷酸测序来定量分析 IRS1 基因的 DNA 甲基化水平，以检测 IRS1 基因 DNA 甲基化水平与高甘油三酯合并 2 型糖尿病的相关性，阐述该基因 DNA 甲基化在高甘油三酯合并 2 型糖尿病人群中的作用，揭示出高甘油三酯合并 2 型糖尿病的影响因素，挖掘相关基因功能与表型之间的联系，对蒙古族 2 型糖尿病机制的研究具有重要意义，也为蒙古族 2 型糖尿病的防控理论提供极为重要的遗传学证据。

# 蓖麻茎色相关基因 RcGST-F11 表达纯化、晶体生长及相关作用 蛋白分析

尹冬雪

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：谷胱甘肽-S-转移酶（Glutathione-S-transferases, GST）是广泛存在于植物体内的多功能蛋白，具有异源物质解毒、转运花青素和天然激素、保护细胞免受氧化以及抗非生物胁迫等多种功能。本课题组在前期研究中筛选到 RcGST-F11 在红、绿茎蓖麻中差异表达，推测其与蓖麻花青素生物合成代谢相关。通过克隆 RcGST-F11 基因，建立原核表达纯化体系，筛选晶体生长条件得到蛋白晶体。使用表面等离子共振（SPR）等蛋白质组学技术从蓖麻总蛋白中筛选 RcGST-F11 的相互作用蛋白，结合酵母双杂交（Y2H）技术点对点验证蛋白间的相互作用关系，旨在为 RcGST-F11 蛋白的功能、蓖麻花青素生物合成代谢的分子机制及蓖麻抗逆育种奠定理论与实践基础。

构建 pETM13-RcGST-F11、pHAT2-RcGST-F11 等一系列原核重组蛋白表达体系，以大肠杆菌 BL21 (DE3) 为宿主，使用 IPTG 诱导重组蛋白表达。当诱导条件为 0.1 mM IPTG，37℃、220rpm 振荡培养 5h 时，重组蛋白均不可溶。选择通过变复性方式增加 His-RcGST-F11 蛋白的溶解度，发现当以 8M 尿素（pH 8.0）溶液为变性剂，20 mM Tris.HCl, pH8.0, 500 mM NaCl 溶液为复性缓冲液，使用稀释法复性时，该重组蛋白的溶解度较高。使用阴离子交换层析和分子筛层析进一步纯化蛋白，发现该重组蛋白以多聚形式存在，且对低盐具有耐受性。最终成功获得高纯度重组蛋白。

使用晶体生长筛选试剂盒进行 His-RcGST-F11 蛋白的晶体生长试验,当晶体生长池液体积为 100  $\mu$ L、蛋白浓度为 17.31 mg/mL、样品体积为 2L、池液与蛋白比分别为 50%: 50%和 25%: 75%,沉淀剂为 20%PEG 3350,缓冲液为 0.2M 硫酸铵 (pH 6.0) 时, His-RcGST-F11 在样池中产生区别于池液中盐晶形态的生长状态良好,呈现微晶、多晶状态的蛋白晶体。

应用 SPR 技术筛选与 RcGST-F11 相互作用的蛋白,以 RcGST-F11 为诱饵筛选蓖麻总蛋白,共获得 22 个相互作用蛋白。Y2H 分析显示,当 RcGST-F11 与 RcRBCL 发生相互作用时,可在四缺培养基 QDO/X/A (SD/-Leu/-Trp/-His/-Ade/X- $\alpha$ -Gal/AbA) 上清晰观察到蓝色菌落,证明 RcGST-F11 与 RcRBCL 存在直接相互作用。暂定 RcGST-F11 与 RcRBCL 结合,通过 3-PGA 影响蓖麻中的糖积累,进而影响蓖麻中花青素的积累。以上结果为阐述蓖麻茎色发育的分子机制及蓖麻抗逆育种提供新的视角与实验依据。

关键词: 蓖麻; 谷胱甘肽--转移酶; 原核表达纯化; 晶体生长; 相互作用分析

# 蓖麻类钙调蛋白基因 RcCML42 克隆与表达载体构建

孙德慧

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**为探讨 RcCML 在蓖麻耐盐中的作用，以哲蓖三号植株为材料，克隆获得 RcCML42 完整编码区序列（CDS），并对所得到序列进行生物信息学分析，分析了在盐处理下蓖麻 RcCML42 基因在根、茎、叶组织中不同时间点的表达量的变化。结果显示，RcCML42 CDS 长度为 597 bp，编码 198 个氨基酸，蛋白分子量为 22.27 ku，等电点为 4.55，不存在跨膜结构域。氨基酸序列一致性分析表明，RcCML42 与巴西橡胶树一致性最高，达 86.84%。qRT-PCR 分析结果显示，NaCl 处理后 RcCML42 在根中表达量呈现先下降后上升的趋势。RcCML42 的表达量在茎中 12 h 时高度表达，在叶中为 8 h 时高表达。综上，推测 RcCML42 在盐胁迫条件下的蓖麻信号转导中起重要作用。Ca<sup>2+</sup>作为细胞内广泛存在的胞内信使，几乎所有生命体的生理代谢等活动都受到其调控。钙信号在植物体内的作用机制是多方面发挥作用的，其一是细胞在面对外围环境时，仅需依靠细胞内 Ca<sup>2+</sup>的浓度升高就可进行生理活动；其二是钙离子可以通过 Ca<sup>2+</sup>通道、Ca<sup>2+</sup>泵、Ca<sup>2+</sup>转运体、Ca<sup>2+</sup>交换体和 Ca<sup>2+</sup>结合蛋白等途径，对复杂的细胞活动进行调控。

**关键词：**蓖麻；类钙调蛋白；耐盐；钙离子；生物信息学

# 蓖麻钙 (Ca) 依赖蛋白激酶 29 基因克隆与表达分析

王莹

内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽, 028000

摘要: 为发掘耐盐相关基因, 以蓖麻叶片为材料, 设计特异性引物, 克隆蓖麻钙 (Ca) 依赖蛋白激酶 29 基因, 并对该序列进行生物信息学分析。结果表明, CDPK29 序列全长 1904 bp; 蛋白质的氨基酸长度 528 个; RcCDPK29 蛋白的分子量为 59.74kD; 等电点 (pI) 值 6.21; 蛋白无跨膜结构; 亲水性数值为负值, 属于亲水性蛋白, 将其命名 RcCDPK29。利用 DNAMAN 软件对该序列与其它植物氨基酸序列进行同源性比对, 结果显示与麻疯树等植物的同源性在 75% 以上, 该蛋白含有 CAMK 家族丝氨酸/苏氨酸激酶的催化域。根据 RcCDPK29 全长设计带有 Sma I 与 Xba I 酶切位点的引物扩增出序列全长, 用 Sma I 与 Xba I 进行双酶切后与表达载体 pCG-3300 连接。成功构建了 RcCDPK29 的表达载体。本研究为进一步研究 CDPK 在蓖麻盐胁迫的分子机制提供理论基础。

关键词: 蓖麻 (*Ricinus communis* L.); 钙 (Ca) 依赖蛋白激酶; 基因克隆; 生物信息学分析; 表达载体

# 少花蒺藜草组织培养和植株再生研究

王忠颖

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：本研究以少花蒺藜草的成熟种子为外植体、MS 培养基为基础培养基，在 MS 基础培养基上添加不同种类和浓度的植物激素，研究不同植物激素对少花蒺藜草组织培养及植株再生体系的影响。结果表明：初代愈伤组织培养基和继代愈伤组织培养基中 2,4-D 浓度为  $0.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时，诱导的效果最佳。少花蒺藜草愈伤组织诱导不定芽的培养基中 6-BA 浓度为 2 或  $2.5 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$  时，分化的效果最佳。不定芽在  $1/2$  MS 生根诱导培养基中生根效果最好，待其生根 2-3cm 后将其移栽，移栽于混合基质(泥炭：珍珠岩：蛭石=2：1：1)中，再生苗长势良好。本研究建立了高效的少花蒺藜草组织培养再生体系，为研究少花蒺藜草的遗传转化及分子设计育种奠定了理论基础。

关键词：少花蒺藜草；组织培养；植株再生；植物激素

# 蓖麻 PIP5K11 基因对 Lm 型雌性系花序发育的影响

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：**蓖麻是世界十大油料作物之一，具有极高的应用价值，花序是与其产量直接相关的性状，研究其花序发育对提高蓖麻产量有重要意义。实验室前期研究表明，蓖麻 PIP5K11 基因与其花序发育相关。本课题以蓖麻 Lm 型雌性系为材料，确定 PIP5K11 基因在蓖麻花序中的相对表达量；通过蓖麻 PIP5K 家族的 PIP5K11 基因异源过表达载体转化哥伦比亚野生型拟南芥植株，对异源过表达拟南芥植株进行分子水平鉴定和生物学检测，确定该基因在转基因拟南芥中的相对表达量及对拟南芥植株的影响。通过构建敲除表达和过表达载体，并分别利用两种载体对蓖麻进行遗传转化，最后通过对转基因植株进行鉴定分析得出结论。结果表明：PIP5K11 基因在单雌、标雌和两性系三种花序类型的 5 叶期相对表达量普遍偏高，在三种花序类型的主茎穗期和二级分枝期的相对表达量普遍偏低；在标雌系花序的 5 叶期时有最高相对表达量，在两性系花序 5 叶期有最低相对表达量。对 PIP5K11 基因在拟南芥中进行异源过表达，研究表明：PIP5K11 基因的过表达明显促进拟南芥的成熟，但在一定程度上抑制拟南芥侧生苔的生长以及花朵、角果的发育。

**关键词：**蓖麻；PIP5K 家族基因；Lm 型雌性系；花序发育

# 蓖麻 PIP5K6 基因对蓖麻花序发育的影响

尹明达

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**蓖麻是世界十大油料作物之一，具有极高的应用价值，花序是与其产量直接相关的性状，研究其花序发育对提高蓖麻产量有重要意义。实验室前期研究表明，蓖麻 PIP5K 基因家族 (PIP5Ks) 与其花序发育相关。为了验证蓖麻 PIP5Ks 中 PIP5K6 基因的功能，构建了该基因的敲除表达和过表达载体，并在拟南芥中进行了源过表达，结果表明：异源过表达拟南芥 T3 代稳定遗传抗性植株 AT-PIP5K6 通过 PCR 检测；荧光定量 PCR 检测结果证明 AT-PIP5K6 中的 PIP5K 家族基因的相对表达量较哥伦比亚野生型拟南芥均有明显上调。对 AT-PIP5K6 进行生物学检测，与对照相比过表达拟南芥植株的主苔生长被显著延迟；PIP5K6 基因的过表达抑制拟南芥侧生苔的生长以及花朵、角果的发育；在拟南芥生长发育后期 PIP5K6 基因的过表达稍微促进拟南芥侧生苔的生长以及花朵、角果的发育。为弥补异源表达的缺陷，后续研究将 PIP5K6 基因转入蓖麻中，进行同源过表达及同源敲除表达，进一步验证 PIP5K6 基因的生物学功能。

**关键词：**蓖麻，花序发育，基因过表达

# 少花蒺藜草的干旱适应策略

张琦

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：受到全球气候变化和人类活动的影响，集中表现在降水格局的变化以及极端性气候的出现，为揭示少花蒺藜草对于干旱胁迫的生理生态适应机制，选取少花蒺藜草的成熟期的刺苞种子为研究材料，进行室内盆栽试验，研究不同水分处理下其生理生态的变化情况。随着干旱胁迫程度增强，茎、叶生物量以及地上总生物量均逐渐减少，果生物量呈现先增长后减少的趋势，同时不同程度下干旱对少花蒺藜草的生长发育和繁殖的影响均不同，对抗旱生理机制的研究将有助于深入研究少花蒺藜草对于干旱的适应策略。

关键词：少花蒺藜草；干旱适应策略

# STEM 教育理念下中学生物信息学教学研究

高原

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：十三五期间，我国首次提出要探索 STEM 教育等新教育模式；近两年，随着“双减”政策逐步落实，中国教育部刊文指出支持跨学科知识融合的 STEM 教育，并推广实践逐步建立有中国特色的 STEM 教育。《普通高中课程标准(2017 年版)》将“生物信息学与人类基因组”模块设置在选修课程中，旨在为学生的学业发展奠定基础，将其融入到高中生物教学中有助于创新教学模式和内容、培养科研型人才，深化领悟生物学核心素养内涵，同时也是实践 STEM 教育理念重要途径之一。

关键词：STEM 教育理念；高中生物；生物信息学；学科融合

# 酸马奶传统制作方法及保健功效研究进展

薛伟康

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：近年来，人们对乳制品的研究越来越多，酸马奶作为一种传统的自然发酵乳制品，其原料鲜马奶中原本就含有丰富的营养成分，经过传统的生产工艺加工，使酸马奶拥有了更高的营养成分和保健功效。文章结合近年来酸马奶研究取得的最新成果，系统综述了酸马奶的传统生产工艺、营养成分、保健功效的现状及其未来的发展趋势。

关键词：酸马奶；生产工艺；营养成分；保健功效

## 关于荞麦降糖物质研究进展的探讨

百灵

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

**摘要：**荞麦是内蒙古自治区特产作物之一，是很多地区人民喜爱的食物。荞麦种类较多，各个部位含有多种功能性物质，营养价值高，除富含蛋白质、淀粉、矿物质、维生素外，还含有大量人体所需的油酸、亚油酸、芦丁、烟酸等特殊营养物质，其中黄酮以显著的降糖效果成为了近年来热门的研究课题。在已知的黄酮类成分中芦丁含量最高，是天然的消化酶活性抑制剂，可显著降低淀粉酶和葡萄糖苷酶等多种消化酶的活性，能有效控制人体内血脂血糖水平。荞麦降糖物质获取简单、对人体无害，相关食品符合现代社会健康饮食的价值观，有很高的研究价值和发展前景。

**关键词：**荞麦；黄酮；降糖食品；未来展望

# 荞麦类黄酮含量及黄酮类物质组分含量的测定

户雪妹

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：荞麦营养价值十分丰富，具有淀粉和纤维素含量高、有益氨基酸组成蛋白质、富含黄酮类化合物等优点。黄酮类化合物又称生物类黄酮，有重要的药用价值。本研究对荞麦类黄酮含量及黄酮类物质组分含量进行测定，分别对 123 份荞麦（57 份苦荞，66 份甜荞）材料进行类黄酮含量测定，结果发现苦荞材料类黄酮含量普遍高于甜荞材料；对全部荞麦材料进行种皮色差值测定及种皮颜色与种子类黄酮含量相关性分析，结果表明，在 123 份荞麦材料中，荞麦种皮 $\Delta b^*$ 值越大，即越偏向黄色，荞麦种子类黄酮含量越高。由类黄酮含量测定结果筛选得到甜荞及苦荞各 15 份黄酮含量较高的材料，对以上材料进行 HPLC-MS 测定其黄酮类物质主要组分后发现苦荞材料和甜荞材料含有的黄酮类物质种类相似，种子中黄酮类化合物均以槲皮素为主，表儿茶素、山柰酚、芦丁含量较高；主要区别在于部分甜荞检出荭草素，但苦荞均未检出，大部分苦荞检出杨梅素，甜荞均未检出，15 份苦荞材料均含有山柰酚-3-O-芸香糖苷，在甜荞中仅有 1 份材料检出。

关键词：荞麦；类黄酮；组分含量

# 根瘤菌调控系统研究进展

乔美玲

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：根瘤菌是一类主要存在于土壤中的细菌，在农业和生态环境的可持续性发展以及全球氮循环中均发挥重要作用，它可以与多种寄主植物共生，其中与豆科植物的共生尤为受到关注。在长期进化中，根瘤菌与豆科植物互惠互利，形成了一种独特的共生固氮体系，近年来，有越来越多的研究揭示了双方共生固氮的奥秘。研究共生固氮的分子机制，需要运用进化、基因组等基础内容，对根瘤菌共生固氮调控系统进行讨论和分析，以加深对根瘤菌的了解以及对共生固氮的认知，也为后续提高豆科作物固氮效率的研究工作提供有效的理论依据。

关键词：根瘤菌 共生固氮 基因组学

# 生物技术在优化种子发展中的应用

小美

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：近两年我国因自然灾害洪涝对农业的影响很大。1、土壤积水：如果不及时排出土壤中的积水，会出现被水填满的情况，导致作物的根系无法正常地进行呼吸，出现缺氧的情况，进而会增加土壤中有毒物质的含量，使作物受害并且出现产量下降的情况。2、病害：涝害之后没有及时的排水还会导致作物比较容易受到细菌和害虫的侵袭，影响作物正常的生长发育，导致作物产量和品质下降。3、土壤板结：在出现洪涝灾害之后，土壤比较容易出现板结的情况，这个时候土壤的透气性就会比较差，影响作物的生长。需要及时进行培土，保持土壤的疏松。因此能否利用生物技术在农作物种子优化处理，通过种子的优化处理，实现农作物种子与自然灾害顽强生长。在恶劣的环境下，有抗旱、抗涝、抗虫害的能力。

关键词：自然灾害；农作物种子；种子质量

# 冷适应过程中 CBF 信号的分子调控

魏雪

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：冷胁迫是限制植物的主要环境胁迫，限制其在自然界中的地理位置，并可能显著降低作物产量。当植物遇到低温时，一系列的细胞反应和分子策略可以被激活，使植物能够适应寒冷的胁迫。三个 CBF 家族成员 CBF1-CBF3 串联排列在拟南芥基因组的第 4 号染色体的 8.7kb 区域。冷适应 *cbf1,2,3* 突变拟南芥幼苗比冷适应 *cbf2*，*cbf3* 和 *cbf1,3* 突变体对冷冻胁迫更敏感，表明 CBF 基因对冷适应至关重要，并表现出功能冗余。CBFs 已在许多植物物种中分离出来，如水稻、番茄（番茄茄）、甘蓝型油菜、小麦、大麦和玉米（玉米），这表明 CBF 在具有和缺乏适应低温能力的植物中是保守的。在许多植物中，CBF 基因的过表达可诱导 COR 基因的表达，并提高其抗冻性。

关键词：冷胁迫；CBF；分子调控

# 少花蒺藜草与黄花刺茄入侵机理和防控策略研究进展

徐礼莹

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：近年来，少花蒺藜草(*Cenchrus pauciflorus*)和黄花刺茄(*Solanum rostratum*)两种外来植物在通辽市境内不断入侵、扩散，严重危害当地的生态环境，造成经济损失。结合近年来的研究热点，本文从生物学特性，入侵机制，以及防控策略等方面综合分析了研究进展，并展望未来研究应考虑的重点方向，以期为入侵植物管理研究提供基础理论依据。

1、生物特性：两种植物均为一年生种子植物，具种子产量大，繁殖能力强，生长速度快特性。少花蒺藜草具包被种子的刺苞，黄花刺茄全株具刺且含毒素是两种入侵植物的主要危害性状。

2、引入和定殖：最初均由人为引入，以种子繁殖方式来保证入侵种群的建立和繁殖。

3、适应阶段：它们会通过自身的生理生化调节来适应各种环境，在土地贫瘠时，少花蒺藜草根系会提高酸性磷酸酶的分泌，做出正反馈的调节以提高竞争能力。黄花刺茄通过改变根际土壤微生物数量和种类来调节自身生长。与本地种竞争养分，降低生态系统多样性并改变植物群落结构。天敌捕食者很少，这也是能够入侵成功的因素之一。

4、扩散阶段：少花蒺藜草和黄花刺茄通过风力，水流，牲畜，人类活动进行传播扩散，并在新的区域继续繁殖，不断扩大入侵范围，因此对入侵地的生态环境危害严重，影响巨大。

5、防控措施：可采用人工，生物和化学手段进行防治，多年生优良牧草替代防除方法前景可期，天敌昆虫和根际菌剂防除是未来研究的重点。

关键词：少花蒺藜草；黄花刺茄；入侵机制；防控策略

# 高通量测序分析平台的构建与蓖麻除草剂解毒相关基因资源挖掘

由佳庆

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：通过对除草剂 25%砒啶磺隆喷施的处于恢复期的绿蓖 1 号与溜蓖 5 号品种的蓖麻进行取样与高通量测序，使用构建完成的生物信息学平台对下机数据进行分析并挖掘蓖麻除草剂解毒机制的相关基因资源，确定了与蓖麻除草剂胁迫解毒相关的关键模块与关键基因。发现了 lightcyan1 模块中同蓖麻脱落酸受体基因 RcPYL4 共表达的基因群体在根中上调表达以调控蓖麻侧根生长，进而增强吸水与汲养过程，应对除草剂造成的损伤。以 RcGSTU8 为代表蓖麻 GSTU 亚族基因与 6 个细胞色素 P450 基因参与了根茎叶等组织部位的除草剂解毒调控与蓖麻花青素的转运积累，同时发现了当蓖麻植株受到除草剂胁迫后可能将有毒物质向地下组织部位运输，隔离到细胞壁或液泡中，从而降低原损伤部位的有毒物质浓度以减轻细胞损伤。此外，在蓖麻根中的液泡中，可能存在着由花青素介导的更为复杂的解毒机制。使用 qRT-PCR 对候选基因进行了验证，从而印证了测序与平台分析的可靠性与准确性。

本研究极大简化了高通量数据的分析成本，完善了高通量测序流程中最薄弱的环节，实现了多线程运算、高集成封装、多策略分析的统一结合，为广大相关科研人员的分析工作提供了有力的现实工具。本研究同时为蓖麻除草剂解毒机制的研究提供了新的视角，为后续开展进一步研究与遗传育种工作奠定了现实基础。

关键词：蓖麻；高通量测序；除草剂

# 兴安落叶松非连续分布区的气候特征分析

张瑞

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：兴安落叶松 (*Larix gmelinii*) 作为大兴安岭地区的优势树种，在维护生态安全和稳定中扮演着重要角色。本研究以内蒙古境内三个不连续分布区的兴安落叶松为对象，基于野外样地调查数据，采用差异分析等方法对三个地区的主要气候因子之间的共性（同质）变化进行分析，探讨研究区当前的气候变化和现存兴安落叶松的“地理孑遗”分布机制。通过对三个区域的降水、温度和永冻土数据进行研究和分析，结果表明：三个地区降水和温度的年际变化差异较大，但总体变化趋势一致，研究区三个区域年降水量呈下降且差距扩大的趋势，年均温度呈上升趋势；三个地区的永冻土变化趋势基本一致，冻土层厚度总体表现为南部>北部>中部，但活动层深度差异较大，南部夏季活动层深度最大，并存在冻土冻结厚度减少和融解深度加深的趋势。研究明确了兴安落叶松三个不连续分布区主要气候因子的共性和差异，其中受海拔与纬度共同影响形成相似的水热条件是兴安落叶松在这三个地区分布的主要原因，此外，三个地区均存在永冻土层也是兴安落叶松存在的重要条件。

关键词：兴安落叶松；降水；温度；冻土

# 基于牛乳腺炎粪肠球菌 esp 基因的 pcr 及 ELISA 检测方法的建立

王静

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：为了建立一种牛乳腺炎早期快速诊断的抗体血清学方法，进一步加强对牛乳腺炎的防控，本研究通过扩增牛乳腺炎粪肠球菌表面蛋白基因 (esp) 基因，与 pET-30a 连接构建重组表达载体，并且在大肠杆菌感受态细胞 BL21 中进行表达、纯化获得 esp 蛋白，利用该蛋白为包被抗原，通过优化反应条件，建立牛乳腺炎粪肠球菌抗体的间接 ELISA 方法。

关键词：牛乳腺炎；粪肠球菌表面蛋白基因；原核表达；间接 ELISA

# 胆碱营养生理功能及其对鱼脂肪代谢的调控机制

徐心雨

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：胆碱作为水产饲料中必不可少的维生素，可分别通过磷酸化、氧化、乙酰化的途径来参与磷脂酰胆碱、甲基供体、乙酰胆碱的合成，并能促进鱼体生长、调节脂肪代谢以及增强机体的免疫和抗氧化能力。本文现有文献的基础上，主要阐述了胆碱的理化性质及生物学功能，阐明了胆碱对鱼的生长、脂肪代谢、组织抗氧化、免疫能力以及脂肪代谢酶和脂肪代谢基因的影响，为胆碱在鱼类养殖的应用中提供参考。

关键词：胆碱；生长性能；脂肪代谢；抗氧化

# 骨质疏松和中医药系统生物学相关研究进展

杨绪珍

内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 内蒙古 通辽, 028000

摘要: 系统生物学是研究生物系统中所有组分(如基因、蛋白质、代谢产物等)构成, 以及在特定条件下(如遗传、环境变化等) 各组分之间相互关系的学科。系统生物学包括生物信息学研究、计算信息学研究、基因组学研究、膜蛋白质组学研究、代谢组学研究、模式生物系统研究、合成生物学研究、系统生物医学研究等。本篇文章主要讲述系统生物学在骨质疏松和中医药学方面的研究进展。

关键词: 系统生物学; 骨质疏松; 中医药; 教学方法

# 蓖麻 NFYA 基因家族的鉴定与生物信息学分析

杨跃超

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：NF-YA 转录因子是核转录因子 Y，能够调控多种生物功能，例如调控花期，响应各种非生物胁迫等。为探讨 NF-YA 在蓖麻中的耐盐作用，以蓖麻为材料，克隆获得 NFYA3 完整的编码区序列，基于蓖麻基因组数据库，对所得到的序列进行生物信息学分析。结果显示，利用 PCR 技术克隆出上述与胁迫相关的 NFYA 启动子，通过 PLACE 和 plantCARE 对顺式作用元件预测分析，结果显示 NF-YA 基因的启动子含有多个跟抗盐碱相关的顺式作用元件，为进一步研究提供了理论依据。

关键词：蓖麻，NFYA, 启动子，顺式作用元件

# 生态系统健康对人类健康的影响研究与思考

张娜

内蒙古民族大学生命科学与食品学院，内蒙古 通辽，028000

摘要：生态系统健康是人类福祉的来源，而健康是人类福祉的基本构成要素。人类健康的维持离不开生态系统的供给。生态系统健康受到国际多学科科学家的关注，具有一定的活力、稳定和自调节能力，是实现生态农业建设目标的重要保障。人类健康与农业生态系统健康密切相关，人类健康直接联系并依赖于支持人类自身生态系统健康的状态。本文将对生态系统中的元素对人类健康的重要性、生态系统变化对人类健康的未来情境展开探究，并针对探究结果给予恰当的对策。

关键词：生态系统健康；人类健康；调控对策

# Microbiome analysis reveals universal diagnostic biomarkers for colorectal cancer across populations and technologies

Huarong Zhang<sup>1</sup>, Junling Wu<sup>2</sup>, Lu Ao<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Key Laboratory of Ministry of Education for Gastrointestinal Cancer, the School of Basic Medical Sciences, Fujian Medical University, Fuzhou, 350122, China;

<sup>2</sup>Department of Bioinformatics, Fujian Key Laboratory of Medical Bioinformatics, School of Medical Technology and Engineering, Fujian Medical University, Fuzhou, China;

\*Corresponding author. Tel.: 18259056924, E-mail: lukey@fjmu.edu.cn

## Abstract

**Background:** Colorectal cancer (CRC) is a heterogeneous disease of the intestinal epithelium, which is one of the leading causes of cancer death worldwide. The gut microbial dysbiosis is a risk of CRC and some bacteria have been reported as potential markers for CRC diagnosis. However, heterogeneity among studies with different populations and technologies lead to inconsistent results. This study aimed to identify universal microbial markers for early diagnosis of CRC.

**Methods:** We investigated six metagenomic profiles of stool samples from 285 healthy controls (HC), 116 colorectal adenoma (CA) and 324 CRC to identify universal genera across different studies. Random forest model was used to construct classifiers for discriminating CRC from HC or CA. Wilcoxon rank-sum test and spearman correlation were used to identify Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes Orthogroups (KO) categories altered in CRC, and significantly correlated with universal microbial markers and mapped into functional pathways.

**Results:** Six and four genera were consistently altered between CRC and HC or CA across populations, respectively. In FengQ cohort, which composed with 61 HC, 47 CA and 46 CRC samples, a RF model composed of the six genera, denoted as signature-HC, distinguished CRC from HC with an area under the curve (AUC) of 0.84. Similarly, another RF model composed of the four universal genera, denoted as signature-CA, discriminated CRC from CA with an AUC of 0.73. These signatures were further validated in five metagenomic sequencing cohorts and six independent 16S rRNA gene sequencing cohorts. Interestingly, three genera overlapped in the two models (*Porphyromonas*,

*Parvimonas* and *Peptostreptococcus*) were with very low abundances in HC and CA, but sharply increased in CRC. A concise RF model on the three genera distinguished CRC from HC or CA with AUC of 0.87 and 0.67, respectively. Functional gene family analysis revealed that KO categories which were significantly correlated with markers in signature-HC and signature-CA were mapped into pathways related to lipopolysaccharide and sulfur metabolism, which might be vital risk factors of CRC development.

**Conclusion:** Two RF models based on six and four universal microbial markers were effective and robust to discriminate CRC from HC or CA in cross-cohorts, regardless of geographic and technical variance, which could serve as an effective clinical indicator for diagnosis of CRC.

**Keywords:** microbial dysbiosis, *Porphyromonas*, *Parvimonas*, *Peptostreptococcus*, non-invasive diagnosis, colorectal cancer

# 基于基因组重测序揭示舟山黄牛起源及体色特征的研究

## Whole-genome sequencing of Zhoushan cattle, an endangered local breed, suggests its origin and the association of MC1R with its dark black coat color

Lihua Jiang<sup>#1,2\*</sup>, Tetsuo Kon<sup>#3</sup>, Liyi Pei<sup>1</sup>, Ryota Ichikawa<sup>3</sup>, Qiyuan Zheng<sup>4</sup>, Chunyan Chen<sup>1</sup>, Ikuyo Takemura<sup>3</sup>, Hagai Nsobi Kaka<sup>1</sup>, Hiromasa Tabata<sup>2</sup>, Hao Pan<sup>2</sup>, Yoshihiro Omori<sup>3</sup>, Atsushi Ogura<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup> National Engineering Research Center of Marine Facilities Aquaculture, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China.

<sup>2</sup> Genomic Diversity Laboratory, Graduate School of Bioscience, Nagahama Institute of Bioscience and Technology, Nagahama, Shiga 526-0829, Japan

<sup>3</sup> Laboratory of Functional Genomics, Graduate School of Bioscience, Nagahama Institute of Bioscience and Technology, Nagahama, Shiga 526-0829, Japan

<sup>4</sup> Zhoushan Sanxing Zhoushan Cattle Protection Institute. Zhoushan City, 316000, China

### Abstract

Zhoushan cattle are an excellent cattle breed bred in the Zhoushan islands located in China's eastern coastal region on the verge of extinction. Since Zhoushan cattle have been bred in isolation from the Chinese mainland for hundreds of years, they show unique morphological characteristics, such as dark black coat colour and a hump on the back, which are typical traits of *Bos taurus* and *Bos indicus*, respectively. Since the cattle bred on the mainland near Zhoushan island are *B. indicus*, it is interesting to investigate why Zhoushan cattle exhibit the traits of *B. taurus* and *B. indicus*. However, no studies have been conducted on Zhoushan cattle. Here, we performed whole-genome sequencing of seven individuals of Zhoushan cattle and nine cattle in Wenling, where geographically close to the Zhoushan islands. We identified 32,970,327 single-nucleotide polymorphisms and 3,331,322 small indels. By integrating our data and publicly available data of 38 cattle individuals, we found that Zhoushan cattle are genetically highly similar to *B. indicus* cattle in south-eastern China, such as Wenling and Guangfeng, suggesting the ancestral population of Zhoushan cattle were *B. indicus* cattle and was introduced from the mainland region near the Zhoushan islands. Furthermore, we identified the genomic regions shared

between Zhoushan cattle and Angus cattle, a *B. taurus* bred with a dark black coat color. Among the regions with the highest *F<sub>st</sub>* value across the genome, we identified MC1R as a strong candidate gene in Zhoushan cattle and Angus's black coloration. Zhoushan cattle and Angus shared the mutation of p.F195L in the fifth transmembrane region of MC1R. Taken together, our results provide a valuable resource for inferring the origin of Zhoushan cattle, characterising the uniqueness of Zhoushan cattle, and developing better breeding programs to preserve this unique and culturally endangered cattle.

**Keywords:** Zhoushan cattle, Re-sequencing, Conservation genomics, *Bos indicus*, *Bos taurus*, Coat color, MC1R, Island isolation