研究论文

DOI:10.3969/j.issn. 1673–1689.2018.09.008

几种植物淀粉合成酶的生物信息学分析

田亚珍[1]， 武国凡[1]， 秦绪军[2]， 牛世全[1]， 孔维宝[*1]

（1. 西北师范大学 生命科学学院，甘肃 兰州，730070；2. 第四军医大学 预防医学院，陕西 西安，710032）

摘要：采用生物信息学方法比对分析了马铃薯、红薯、小麦、高粱、南瓜、水稻等 6 种植物的淀粉合成酶(SS)的核苷酸和氨基酸序列，对其甲基化位点、组成成分、理化性质、疏水性/亲水性、跨膜结构域、蛋白质二级结构、功能结构域进行预测和分析。结果表明：红薯、小麦、高粱和水稻都含有甲基化位点，马铃薯和南瓜不含甲基化位点。SS 的平均全长为 1 847 bp，开放阅读框的长度约为 877 bp，起始密码子为 ATG，终止密码子有 3 种；开放阅读框所编码的氨基酸残基平均数 286，平均相对分子质量为 31 915.88；平均等电点为 8.264 5，中性溶液中平均带电荷为–0.598 1；平均亲水氨基酸 63 个、疏水氨基酸 102 个，SS 为疏水性蛋白。6 种植物的 SS 含有 2 个跨膜结构，其二级结构以无规则卷曲和延伸链为主要构件。通过进化树分析淀粉合成酶，小麦和高粱进化程度相似，和南瓜的进化相距较远。

关键词：植物；淀粉合成酶；生物信息学分析

中图分类号：Q 559　　**文献标志码**：A　　**文章编号**：1673—1689(2018)09—0948—07

Bioinformatics Analysis of Starch Synthase in Several Plants

TIAN Yazhen[1]， *WU Guofan*[1]， *QIN Xujun*[2]， *NIU Shiquan*[1]， *KONG Weibao*[*1]

（1. College of Life Science，Northwest Normal University，Lanzhou 730070，China；2. School of Preventive Medicine，The Fourth Military Medical University，Xi'an 710032，China）

Abstract：The nucleotide and amino acid sequences of starch synthase gene （SS） of six plants （*Solanum tuberosum*，*Impomoea batatas*，*Triticum aestivum*，*Sorghum bicolor*，*Cucurbita moschata*，*Oryza sativa*） were analysed using bioinformatic method and the physical and chemical properties and functional domains were predicted. The results showed that SS cDNAs of *S. tuberosum*，*I. batatas*，*T. aestivum* and *S. bicolor* contained methylation site. The average length of SS was 1 847 bp and the average length of the open reading frame was 877 bp. The start codons were all ATG，and the stop codon consists of 3 kinds. The average number of amino acid residues was 286，and the average relative molecular mass was 31 915.88，the average isoelectric point was 8.2645，the average charge was -0.598 1 in neutral solution. The average number of hydrophilic amino acid was 63，and

收稿日期：2016–01–21

基金项目：国家自然科学基金地区项目(31360192，21365019)；甘肃省基础研究创新群体项目(1506RJIA116)。

* **通信作者**：孔维宝(1981—)，男，甘肃永靖人，理学博士，副教授，硕士研究生导师，主要从事资源生物技术方面的研究。

E–mail：kwbao@163.com

引用本文：田亚珍，武国凡，秦绪军，等. 几种植物淀粉合成酶的生物信息学分析[J]. 食品与生物技术学报，2018，37(09)：948–954.

the average number of hydrophobic amino acid was 102. All the SS of these six plants had two transmembrane domains.The irregular curl and extension chain were found the main component of all the SS secondary structures. Throngh starch synthase by phylogenetic analysis，*T.aestivum* was similar with *S. bicolor* in degree of evolution ，but far away from *C. moschata.*

Keywords：plant，starch synthase，bioinformatics analysis

淀粉是高等植物合成的具有重要功能的碳水化合物之一，并且是一种廉价易得的可再生性资源，已成为很多生产领域的重要原料[1]。淀粉作为植物中能量储存分子以及许多动物基本能量的来源[2]，其合成主要发生在两个阶段，一是在形成临时淀粉的光合作用阶段，另一个则是在成为贮藏淀粉的营养积累阶段[3]。淀粉的生物合成包括两种形式：在光合组织叶绿体中进行的瞬时淀粉合成和在非光合组织造粉体中完成的贮藏淀粉合成，淀粉合成酶是淀粉生物合成途径中关键的酶[4]。淀粉合成酶（Starch Synthase，SS，EC 2.4.1.21 ）是一个葡萄糖转移酶，主要负责延伸直链淀粉和直链淀粉的葡萄糖链，通过转移 ADP 葡萄糖的糖基到 α-1，4 葡萄糖的非还原性末端来延长 α-1，4 葡萄糖多聚体[5]，多聚体又作为淀粉分支酶的底物合成支链淀粉[6]。生物信息学是在生命科学的研究中形成的建立在分子生物学基础上的以计算机为工具对生物信息进行储存、检索和分析的新兴科学，它以数学、信息学、计算机科学为主要手段，对原始序列数据进行储存、管理、注释、加工，通过查询、搜索、比对分析，从而预测其分子的结构与功能及其两者间的相互作用关系[7]。

作者用生物信息学的方法对马铃薯、红薯等 6 种重要农作物的 SS 基因及相应的氨基酸序列进行比对分析，进而对其理化性质、二级结构、结构域等进行预测分析，以期为今后开展 SS 的深入研究和利用提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

马铃薯（*Solanum tuberosum*）、红薯（*Impomoea batatas*）、小麦（*Triticum aestivum*）、高粱（*Sorghum bicolor*）、南瓜（*Cucurbita moschata*）、水稻（*Oryza sativa*）SS mRNA 序列和氨基酸序列来源于 NCBI 的基因数据库，网址见表 1[8]。登录号分别为：X52417.1、U44126. 1、D10657. 1、U41446. 1、JN828808. 1 和 FJ750946. 1。

表 1 生物信息学分析数据库和软件的相关网址

Table 1 Websites of bioinformatics database and software

软件	网址
NCBI	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html
ProtScale	http://expasy.org/tools/protscale.html
TMHMM 2.0 Server	http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM-2.0
PSIPRED	http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/
Mega 6.0	http://www.megasoftware.net/history.php
Smart	http://smart.embl-heidelberg.de
Blast	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/
CpGisland	http://www.bio-soft.net/sms/cpg_island.html

1.2 实验方法

通过 NCBI 网站检索合适的 DNA 序列，在选择基因序列的时候选择完整的线性序列。利用 CpG 岛分析 6 种物种的甲基化位点；通过 DNAstar 程序中的 EditSeq 确定其完整编码框并预测蛋白质理化性质；通过 ProtScale 程序分析蛋白质的亲水性/疏水性；通过在线工具 TMHMM 2.0 Server 分析蛋白质跨膜结构域；通过 PSIPRED 网站的在线分析功能完成蛋白质二级结构的预测；利用 Smart 分析物种的结构域；利用 Blast 完成核酸及氨基酸序列的同源性比对；利用 Mega 6.0 构建分子进化树。

2 结果与分析

2.1 6 种植物 SS 甲基化位点分析

DNA 甲基化是最早发现的表观遗传修饰途径之一，是指在 DNA 甲基化转移酶的作用下，将 S-腺苷甲硫氨酸提供的甲基基团共价到 CpG 二核苷酸的胞嘧啶 5’碳位上的过程[9]。基因启动子及其附近区域内 CpG 甲基化是众多基因实现去表达（沉默）和基因印记的重要途径，通过测定启动子 CpG 岛甲基化状态了解基因是否去表达，为研究基因表达提

供了 DNA 水平进行的途径[10]。DNA 相关区域的每个 CpG 位点有特异性的甲基化修饰,导致复杂的信息类型,形成特异性 CpG 甲基化谱[11]。CpG 岛的甲基化是表观遗传中基因表达调控的重要机制。通过 CpG 岛分析结果发现[12],红薯、小麦、高粱和水稻都含有甲基化位点,马铃薯和南瓜不含甲基化位点。红薯含有 3 个甲基化位点,小麦含有 701 个甲基化位点,高粱含有 154 个甲基化位点,水稻含有 1 799 个甲基化位点。

2.2 SS 一级结构分析

2.2.1 核苷酸及其对应的氨基酸序列的组成成分和理化性质分析 用 DNAstar,ORF Finder 和 ProtParam 分析马铃薯、红薯、小麦、高粱、南瓜、水稻 6 种植物相关基因序列,对基因的核苷酸及其对应的氨基酸序列的组成成分和理化性质进行分析,结果见表 2。淀粉合成酶核苷酸序列的全长平均为 1 847 bp,开放阅读框的长度约为 877 bp,起始密码子为 ATG,终止密码子有 TAA、TGA、GAC。开放阅读框所编码的氨基酸残基平均数 286;平均相对分子质量为 31 915.88;平均等电点为 8.264 5;pH 为 7 的中性溶液中平均带电荷为–0.598 1;平均亲水氨基酸 63 个,平均疏水氨基酸 102 个,预测 SS 为疏水性蛋白。

表 2 不同植物中 SS 组成成分及理化性质分析

Table 2 Composition analysis and physicochemical characteristics of SS in different plants

物种	基因全长/bp	ORF/bp	起始密码子	终止密码子	氨基酸数	相对分子质量	正电荷氨基酸总数	负电荷氨基酸总数	疏水氨基酸	亲水氨基酸	等电点	pH 为 7 所带电荷
马铃薯	1 335	96	ATG	TAA	31	3 702.41	3	1	14	10	9.772	1.907
红薯	2 124	1 827	ATG	TGA	608	67 000.67	66	65	217	141	7.462	2.432
小麦	900	150	ATG	TGA	49	5 662.48	10	3	16	12	12.198	7.078
高粱	1 032	129	ATG	TGA	42	5 019.81	6	5	15	8	8.033	1.351
南瓜	1 104	1 035	ATG	GAC	345	39 157.72	33	34	125	69	6.019	–8.524
水稻	2 429	2 028	ATG	TAA	641	70 952.24	61	71	227	142	6.103	–7.833
平均	1 847.3	877.5	—	—	286	31 915.88	29.8	29.8	102.3	63.7	8.264 5	–0.598 1

2.2.2 SS 氨基酸疏水性/亲水性分析 蛋白质疏水性/亲水性的组成是蛋白质折叠的主要驱动力。蛋白质折叠会形成亲水内核和亲水表面,同时在潜在跨膜区形成高疏水值区域,据此可以推测跨膜二级螺旋等二级结构和蛋白质表面氨基酸分布。分析正值越大表示越疏水,负值越大表示越亲水,而介于–0.5~+0.5 之间的主要为两性氨基酸[13]。用 ProtScale 对马铃薯等 6 种植物淀粉合成酶氨基酸序列进行疏水性/亲水性预测,结果见图 1。预测结果表明,马铃薯 SS 多肽链中的氨基酸(异亮氨酸,ILE)具有最高的分值(2.111)位于第 130、131 位,表明该位点的氨基酸疏水性最强,而氨基酸(精氨酸,Arg)的分值最低(–0.667)位于第 1145、1146 位,表明该位点的氨基酸亲水性最强。而就整体来看,疏水性氨基酸多于亲水性氨基酸。因此,整个多肽链表现为疏水性,可认为马铃薯 SS 是疏水性蛋白。另外对其它 5 种物种的 SS 氨基酸序列进行疏水性/亲水性预测,结果表明其均为疏水性蛋白。SS 整条链表现为疏水性,这与前面的预测结果一致,即表明 SS 为疏水性蛋白。

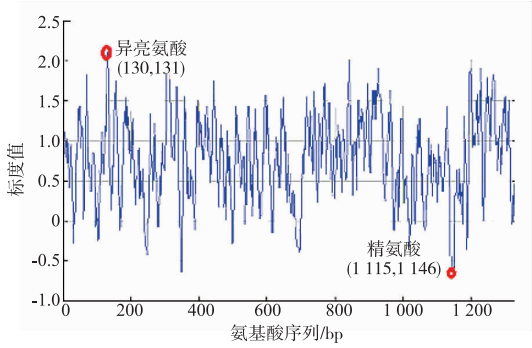


图 1 马铃薯 SS 疏水性/亲水性预测分析

Fig. 1 Predictive analysis of hydrophobic/hydrophili of *Ipomoea batatas* SS

2.2.3 跨膜结构域的预测和分析 跨膜结构域是膜内在蛋白和膜脂相结合的主要部位,它可能作为膜受体起作用,也可能定位于膜的锚定蛋白或者离子通道蛋白等[14]。因而,预测和分析跨膜结构域对于了解蛋白质的结构和功能以及在细胞中的作用部位具有十分重要的意义。使用 TMHMM 2.0 Server

对马铃薯等 6 种植物的 SS 氨基酸序列的跨膜结构域进行预测和分析,判定其跨膜结构域,红薯和水稻的预测结果见图 2。红薯和水稻这两种 SS 序列都含有结构域,马铃薯、小麦、高粱、南瓜 4 种均没有结构域。

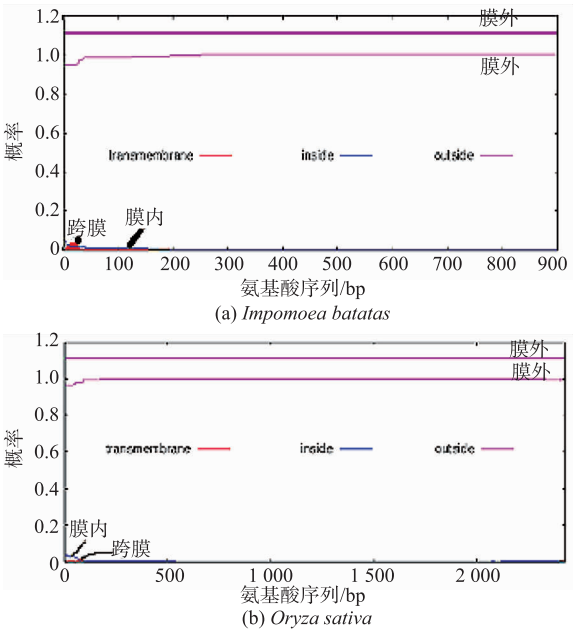


图 2 SS 跨膜区结构预测分析

Fig. 2 Predictive analysis of transmembrane domain structure of SS

2.3 淀粉合成酶二级结构分析

2.3.1 蛋白质二级结构元件组成 蛋白质的二级结构指它的多肽主链中有规则重复的构象,蛋白质分子的多肽链通常折叠和盘曲成比较稳定的空间结构,以形成特有的生物学活性和理化性质[15]。因此,预测和分析蛋白质的二级结构对了解其功能和空间结构有重要意义。蛋白质的二级结构预测是蛋白质结构组学研究的重点问题之一[16]。

目前预测二级结构的方法有很多,但是准确率却不是很理想。目前的预测方法中,PSIPRED 方法的预测结果比较理想,因此采用此方案。常见的二级结构元件主要有 α-螺旋、β-转角、β-折叠片、无规则卷曲和延伸链等[17]。表 3 为 PSIPRED 法预测 6 种植物 SS 氨基酸的二级结构原件比例,结果显示其二级结构以无规则卷曲和延伸链为主要构件。图 3 高粱 SS 氨基酸的二级结构为:α-螺旋含有 22 个,分别在 53~64、97~106 等区域其所占蛋白质比例为 13.33%。β-折叠片含有 29 个,分别在 5~15、19~23、86~90、116~121、161~162 等区域,所占蛋白质比例 17.58%。无规则卷曲和延伸链含有 114 个,分别在 1~4、16~18、24~52、65~85、91~96、107~115、122~160、163~165 等区域,所占蛋白质比例为 69.09%。

表 3 SS 蛋白二级结构分析

Table 3 Analysis of SS protein secondary stucture

物种	α-螺旋		β-折叠片		无规则卷曲和延伸链	
	个数	比例/%	个数	比例/%	个数	比例/%
马铃薯	0	0	13	30.23	30	69.77
红薯	164	40.20	68	16.67	176	43.14
小麦	161	32.86	60	12.22	270	54.99
高粱	22	13.33	29	17.58	114	69.09
南瓜	106	28.88	60	16.35	201	54.77
水稻	158	42.82	82	22.22	129	34.96

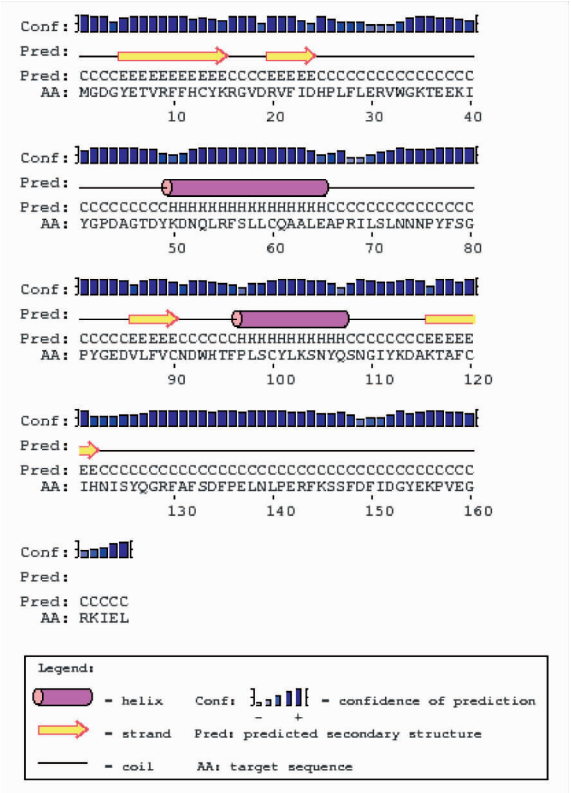


图 3 高粱 SS 二级结构预测

Fig. 3 Prediction of secondary structure of Sorghum Bicolor SS

2.3.2 结构域的分析 结构域是一种相对独立的区域性的结构,是介于二级和三级结构之间的另一种层次结构,是蛋白质亚基中的紧密球状结构区域,在蛋白质中起着独立的结构单位、功能单位与折叠单位的功能。一个蛋白质可以包含一个结构域

也可以由几个结构域构成功能单位，通过 Smart 对 6 种植物的 SS 结构域进行预测。对红薯和水稻 SS 结构域的预测结果见图 4，其中红色小方块表示低复杂度区域。红薯 SS 预测结果表明，其低度复杂区位于 98~115 处，长度为 17 bp。对水稻 SS 结构域的预测结果表明其含有两个低复杂度区域，其低复杂度区域位于 2~14 处和 99~108 处，总长度为 21 bp。其余 4 种植物 SS 均不含有结构域。

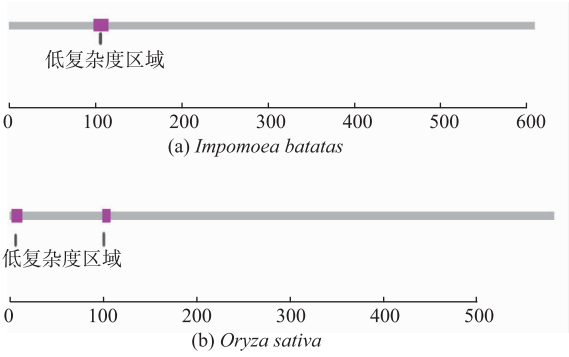


图 4　红薯和水稻 SS 的结构域预测

Fig. 4　Prediction of structural domain of SS in *Impomoea batata* and *Oryza sativa*

2.4　核酸及蛋白质序列的比对分析

序列的相似性与序列的同源性有一定关系，一般来说，序列间的相似性越高，它们是同源序列的可能性就越高，所以通常通过序列的相似性推测序列是否同源。用 Blast 程序分别对 6 种物种的SS 核酸(Blastn)及蛋白质序列(Blastp)进行同源性比对，结果见表 4。表 4 数据显示，南瓜与高粱的核酸序列同源度分别为 74%，其他物种均无同源序列。

表 4　6 种植物间核酸序列的相关性比对

Table 4　Correlation of nucleotides sequences between six different plants

品种	马铃薯	红薯	小麦	高粱	南瓜	水稻
马铃薯	100%					
红薯	0%	100%				
小麦	0%	0%	100%			
高粱	0%	0%	0%	100%		
南瓜	0%	0%	0%	74%	100%	
水稻	0%	0%	0%	0%	0%	100%

Blastp 比对 5 种植物蛋白质序列的同源性，结果见表 5。水稻与小麦、高粱的同源度分别为 86%、87%。南瓜与高粱的同源度分别为 82%，高粱与小麦的同源度为 64%。

表 5　5 种植物间蛋白质序列的相关性比对

Table 5　Correlation between protein sequences of five different plants

品种	红薯	小麦	高粱	南瓜	水稻
红薯	100%				
小麦	0%	100%			
高粱	0%	64%	100%		
南瓜	0%	0%	82%	100%	
水稻	0%	86%	87%	0%	100%

Blastn 与 Blastp 的结果对比发现，核酸的同源度远远低于蛋白质的同源度，这是因为密码子的简并性即由一种以上的密码子编码同一个氨基酸的现象，对应于同一氨基酸的密码子又称为同义密码子[18]。Blastp 比对结果显示：红薯与欧洲山杨(*Populus tremula*,CAI77773.1)、抗寒性烟草(*Nicotiana sylvestris*,XP009777240.1)、柑橘(*Citrus clementinal*,XP 006441435.1)、葡萄(*Vitis vinifera*,CAN63617.1)、可可(*Theobroma cacao*,XP 0070029360.1)的同源度分别为 37%、33%、36%、32%、32%。小麦与高粱(*Sorghum bicolor*,KXG39419.1)、节节麦(*Aeqilops tauschii*,EMT23342.1)、大麦(*Hordeum vulqare*,AAA32972.1)、籼稻(*Oryza sativa* indica group,EEC82681.1)、小米(*Setaria italica*,XP004958680.1)同源度分别为 64%、92%、71%、64%、87%。高粱与玉米(*Zea mays*,NP 001149266.1)、籼稻(*Oryza sativa* indica group,EAZ09149.1)、小麦(*Triticum monococcum*,AHJ14569.1)、大叶藻(*Zostera marina*,KMZ64620.1)、葡萄(*Vitis vinifera*,CAN76946.1)的同源度分别 89%、85%、71%、88%、57%。南瓜与西瓜(*Citrullus lanatus*,AEV46188.1)、草莓(*Fragaria ananassa*,AAT40976.1)、山荆子(*Malus baccata*,AED99204.1)、刺梨(*Rosa roxburghii*,AAT28434.1)、山葡萄(*Vitis amurensis*,AAR08831.1)的同源度分别为 83%、46%、45%、48%、45%。水稻与小米(*Setaria italica*,XP 004977081.1)、玉米(*Zea mays*,NP 001105759.1)、小麦(*Triticum aestivum*,CBG91898.1)、高粱(*Sorghum bicolor*,XP 002455594.1)、毛果杨(*Populus trichocarpa*,XP 002320314.1)的同源度分别为 90%、86%、86%、87%、77%。

2.5 进化树构建与分析

用 MEGA 6.0[19]软件分析淀粉合成酶的 6 个物种之间的亲缘关系并构建进化树，结果见图 5。结果显示，参与分析的 6 个物种在进化树上呈现出一个大的分支：小麦和高粱 SS 进化程度相似，和水稻进化程度接近，和南瓜的进化相距较远。其中南瓜和马铃薯、红薯进化程度相近。6 个物种之间呈现明显的亲缘关系。

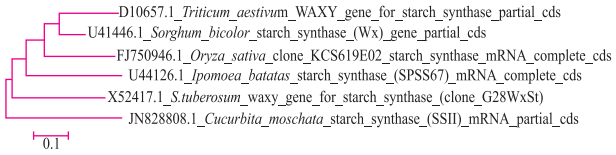


图 5 淀粉合成酶进化树分析

Fig. 5 Phylogenetic tree analysis of SS

3 结 语

红薯、小麦、高粱和水稻都含有甲基化位点，马铃薯和南瓜不含甲基化位点。红薯含有 3 个甲基化位点，小麦含有 701 个甲基化位点，高粱含有 154 个甲基化位点，水稻含有 1 799 个甲基化位点。

淀粉合成酶核苷酸序列的全长平均为 1 847 bp，开放阅读框的长度约为 877 bp，起始密码子为 ATG，终止密码子有 TAA、TGA、GAC。开放阅读框所编码的氨基酸残基平均数 286，平均相对分子质量为 31 915.88；平均等电点为 8.264 5，pH 为 7 的中性溶液中平均带电荷为–0.598 1。平均亲水氨基酸 63 个，平均疏水氨基酸 102 个，预测 SS 为疏水性蛋白。

淀粉合成酶为疏水性蛋白，小麦和水稻分别存在一个跨膜结构。6 种植物淀粉合成酶的二级结构表明，其二级结构以无规则卷曲和延伸链为主要构件。Blastn 比对 6 种物种的同源性，结果表明，南瓜与高粱的同源度分别为 74%，其他物种均无同源序列。Blastp 比对 5 种植物蛋白质的同源性表明，水稻与小麦、高粱的同源度分别为 86%、87%。南瓜与高粱的同源度分别为 82%，高粱与小麦的同源度为 64%。通过进化树分析淀粉合成酶显示，小麦和高粱进化程度相似，和南瓜的进化相距较远。这可能与淀粉合成酶在不同物种上进化程度有关。

参考文献：

[1] CHEN Guoliang，TIAN Ruikang，MA jingfeng，et al. Study on amylosynthease activity and the change of starch content in transgenic potato tuber[J]. **Journal of Food Science and Biotechnology**，2016，35(2)：219-223.(in Chinese)

[2] LARSON M E，FALCONER D J，MYERS A M，et al. Direct characterization of the maize starch synthase IIa product shows maltodextrin elongation occurs at the non-reducing end[J]. **Journal of Biological Chemistry**，2016，291(48)：24951-24960.

[3] BAO Ying，DU Jiaxiao，JING Xiang，et al. Difference and specific expression of starch synthase gene family in medicine wild rice leaves[J]. **Journal of Plants**，2015，50(6)：683-690.(in Chinese)

[4] ZHU Yerong，LIU Miaomiao，LI Yahui，et al. Research advanced in regulation machanism of starch synthasis in plants[J]. **Journal of Plants Physiology**，2013，49(12)：1319-1325.(in Chinese)

[5] WANG Zibu，HUANG Yanfen，WU Kun，et al. Progress on correlation between starch synthase and starch synthesis in the grain [J]. **Current Biotechnology**，2013，3(5)：336-341.(in Chinese)

[6] WANG Zhonghua，YU Tingjie. Andvanced study on key enzymes and molecular biology of rice starch quality[J]. **Bulletin of Botany**，2008，25(6)：741-752.(in Chinese)

[7] XU Fengquan，WANG Lilei. Advance study in the bioinformatic analysis of the major proteins of or enzymes of *Toxoplasma gondii*[J]. **Journal of Pathogen Biology**，2015，10(9)：858-862.(in Chinese)

[8] RAO Dongmei. NCBI data bases and resource acquisition[J]. **Science and Tecnology Vision**，2013(7)：53-54.(in Chinese)

[9] GE Shaoqin，LI Xiangyang，LI Jianzhong，et al. The role of DNA methylation spermatogenesis[J]. **Chemistry of Life**，2012，32(3)：221-227.(in Chinese)

[10] FAN Baoxing，et al.DNA methylation detection method[J]. **The Archies of Foreigh Medical Genetics**，2002，25(2)：99-100.(in Chinese)

[11] ZHANG Qingying，ZHOU Li，ZHANG Donghong，et al. Frequency and significance of CpG island methylator phenotype in endometrial cancer[J]. **The Practical of Journal of Cancer**，2010，25(3)：247-251.(in Chinese)

[12] ZHANG Songfa,YE Feng,CHENG Huaizeng,et al. Andvanced study on genome CpG island methylation detection techonlogy [J]. **International Journal of Genetics**,2006(3):201-203,216.(in Chinese)
[13] ZHAO Daqiu,CAO Chunyan,KONG Fen,et al. Bioinformatic analysis of β-carotene hydroxylase in plant[J]. **Biotechnology Bulletin**,2010(4):116-121.(in Chinese)
[14] 翟中和,王喜忠,丁明孝. 细胞生物学[M]. 北京:高等教育出版社,2000:79-240.
[15] KROGH A,VON LARSSON B,HEIJNE G,et al. Predicting transmembrane protein topology with a hidden Markov model: application to complete genomes[J]. **Journal of Molecular Biology**,2001,305(3):567-580.
[16] TANG Yuan,LI Chunhua,ZHANG Yuan,et al. Andvanced study on protein secondary structure prediction[J]. **Progress in Modern Biomedicine**,2013,13(26):5180-5182.(in Chinese)
[17] 王廷华,邹晓莉. 蛋白质理论与技术[M]. 北京:科学出版社,2005:171.
[18] 朱玉贤,李毅,郑晓峰,等. 现代分子生物学(第 4 版)[M]. 北京:高等教育出版社, 2013:66.
[19] FENG Siling. Study on the construction method of phylogenetic tree[J]. **Information Technology**,2009(6):38-44.(in Chinese)

会　议　消　息

会议名称(中文):第八届中国饲料营养学术研讨会

所属学科:动物食品科学

开始日期:2018-10-01

所在城市:北京市　　东城区

主办单位:中国畜牧兽医学会动物营养学分会

承办单位:国家粮食局科学研究院、中国农业科学院饲料研究所、动物营养学国家重点实验室、中国粮油学会饲料分会

联系人:窦志斌 18514591297

联系电话:010-62731297

E-MAIL:ana@cau.edu.cn

会议网站:http://www.ananutri.com/zhaoyaotongzhi/201706/767.html

会议背景介绍:经中国畜牧兽医学会动物营养学分会常务理事会研究决定,由我会主办的"中国畜牧兽医学会动物营养学分会第八届中国饲料营养学术研讨会"将于 2018 年 10 月在北京召开,同时举行第十届二次全体理事会议和《动物营养学报》编委会会议。本次会议是四年举行一次的本行业盛会,将由国家粮食局科学研究院(牵头单位)、中国农业科学院饲料研究所、动物营养学国家重点实验室、中国粮油学会饲料分会承办,欢迎国内外动物营养与饲料行业代表参加。

会议征文:

本次会议将出版《饲料营养研究进展-2018》和《第八届饲料营养学术研讨会论文集》两套论文集;

《饲料营养研究进展-2018》:特约稿。由组委会面向专家征集题目、大纲后,经学术组遴选后并邀请专家撰稿,字数不超过 6000 字,具体请参见《动物营养学报》综述性文章的投稿要求;(单独附 1000 字左右的详细摘要刊载在会议论文集)

《第八届饲料营养学术研讨会论文集》:以研究报告详细摘要形式投稿。