

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2013.00771

piggyBac 转座子在牛基因组的整合位点及特征分析

杜新华, 高雪, 张路培, 高会江, 李俊雅, 许尚忠

中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 中国农业科学院肉牛研究中心, 农业部畜禽遗传资源与利用重点开放实验室, 北京 100193

摘要: *piggyBac*(*PB*)转座子作为一种遗传工具被广泛应用于多个物种的转基因及插入突变研究, 目前 *PB* 转座子在牛中的相关研究还较少。为了获得 *PB* 转座子在牛基因组中的整合位点, 总结其转座特征, 文章构建了 *PB*[*CMV-EGFP*]和 *pcDNA-PBase* 二元转座系统, 利用细胞核电转技术共转染牛耳组织成纤维细胞, 经 G-418 筛选, 获得了稳定转染 *EGFP* 的转基因细胞系; 提取细胞基因组 DNA, 利用基因组步移技术扩增 *PB* 转座子 5' *Bac* 区插入位置的 DNA 序列; 通过与牛基因组序列进行 BLAST 比对, 得到 *PB* 转座子在牛基因组中的插入位点。文章共获得了 8 个有效的整合位点, 但仅有 5 个位点定位到染色体 1、2、11 和 X 染色体上。序列分析表明: 在牛基因组中, *PB* 转座子可特异性的插入到 “TTAA” 位置, 并整合到基因间的非调控区; 分析整合位点 “TTAA” 相邻一侧的 5 个碱基组成, 发现 *PB* 转座子 5'端倾向于插入到 GC(62.5%)碱基富集区。该研究表明, *PB* 转座子可以在牛基因组中发生转座, 获得的整合位点信息为利用 *PB* 转座子在牛上开展遗传学研究提供了理论参考。

关键词: *piggyBac*; 转基因; 牛基因组; 整合位点

Integration sites and their characteristic analysis of *piggyBac* transposon in cattle genome

DU Xin-Hua, GAO Xue, ZHANG Lu-Pei, GAO Hui-Jiang, LI Jun-Ya, XU Shang-Zhong

Key Laboratory for Farm Animal Genetic Resources and Utilization of Ministry of Agriculture; Beef Cattle Research Center, Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China

Abstract: As a useful tool for genetic engineering, *piggyBac* (*PB*) transposons have been widely used in more than one species of transgenesis or generating mutation studies. At present, the studies about *PB* transposons in cattle were few. In order to get the *PB* transposon integration sites and summarize its characteristics in bovine genome, donor plasmid of *PB*[*CMV-EGFP*] and helper-dependent plasmid of *pcDNA-PBase* were constructed and transferred into bovine fibroblasts by Amaxa basic nucleofector kit for primary mammalian fibroblasts. Cell clones stably transfected were obtained after screening by G-418. Genomic DNA of transgenic cells was extracted and the integration sites of *PB* transposon were de-

收稿日期: 2012-12-18; 修回日期: 2013-02-27

基金项目: “十二五”转基因重大专项(编号: 2011ZX08007-002-009), “十二五”国家科技支撑计划(编号: 2011BAD28B04), 现代农业(肉牛、
牦牛)产业技术体系岗位体系科学家项目(编号: CARS-38)和中国农业科学院基本科研业务费增量(编号: 2013ZLD31)资助

作者简介: 杜新华, 博士生, 研究方向: 转基因与肉牛育种。Tel: 010-62818176; E-mail: xinhua_du2008@hotmail.com

通讯作者: 许尚忠, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 肉牛遗传育种。E-mail: simmenta@vip.sina.com

网络出版时间: 2013-3-27 13:39:17

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20130327.1339.002.html>

tected by genome walking technology. Eight integration sites were obtained in bovine genome, although only 5 sites were mapped on chromosomes 1, 2, 11, and X chromosome. We found that *PB* transposon was inserted into the “TTAA” location and integrated into the intergenic non-regulatory sites between two genes. Analysis of the composition of the five bases, which was close to the side of the *PB* integration sites “TTAA”, showed that *PB* 5' tended to be inserted into region rich in GC (62.5%). From the study, we got that transposition occurred in cattle genome by *PB* transposons and the integration site information acquired from the research will provide theoretical references for bovine study by *PB* transposon.

Keywords: *piggyBac*; transgenic; cattle genome; integration sites

转基因技术经过近半个世纪的发展,已成为当今生物技术研究热点。克隆技术与转基因技术的结合,为动物育种工作者提供了新的思路。然而,外源基因在宿主细胞内的随机整合、嵌合表达^[1]以及转基因造成的宿主细胞基因表达差异引起的一系列安全问题^[2,3],严重制约了转基因动物的生产。因此,寻找一个好的转基因表达载体,成为动物转基因技术研究的关键所在。*piggyBac*(*PB*)转座子是 Fraser 等^[4,5]从粉纹夜蛾(*Trichoplusia ni*)TN368 细胞系中分离得到的一种 DNA 型转座子,可特异性的插入到“TTAA”靶位点,并且可以精确切离。*PB* 转座子介导的转基因具有整合效率高、稳定整合、长期表达、外源基因负载容量大、单拷贝整合、插入位置可定位及操作简便等特点^[6,7]。2005 年, Ding 等^[6]通过受精卵原核注射带有 *PB* 转座子的供体质粒和 *PB* 转座酶(PBase)的辅助质粒,获得了稳定遗传的 *Tyr* 和 *RFP* 转基因小鼠,开启了利用 *PB* 转座子进行哺乳动物遗传学研究的先河。如今, *PB* 转座子已成为昆虫^[8-10]、寄生虫^[11-13]、鱼类^[14-16]、家禽^[17,18]和哺乳动物^[3,19,20]基因功能和转基因研究的有效工具。目前,关于 *PB* 转座子与牛的相关研究还较少,而关于 *PB* 转座子在牛基因组中的整合位点还未见报道。本研究构建了以 *EGFP* 为报告基因的 *PB* 二元转座系统,共转染牛耳组织成纤维细胞,筛选 *EGFP* 阳性

细胞;提取转基因细胞基因组 DNA,利用基因组步移技术扩增 *PB* 转座子 5' Bac 区插入位置的 DNA 序列,探讨 *PB* 转座子在牛成纤维细胞染色体中的整合位点及转座特性,为利用 *PB* 转座子开展转基因牛研究提供理论参考。

1 材料和方法

1.1 材料

大肠杆菌 DH5 α 购自天根生化科技(北京)有限公司。质粒 pXLBac -Pub-nls-EGFP 和 phsPBac 由西北农林科技大学陈玉林教授实验室惠赠, pcDNA3.1 (+)表达载体由中国农业大学李秋玲博士惠赠, pEGFP-C1 表达载体购自 Clontech 公司, pMD19-T 克隆载体购自宝生物工程(大连)有限公司。PCR 扩增所用引物(表 1)由北京赛百盛基因技术有限公司合成。

1.2 方法

1.2.1 牛耳组织成纤维细胞的分离和培养

牛耳组织成纤维细胞的分离培养参照郭瑜等^[21]报道的方法,实验材料来自一头健康的鲁西黄牛成年公牛耳组织,采用组织贴块法分离培养成纤维细胞。实验所用培养基为含 10% FBS 的 DMEM 高糖培养基(Hyclone 公司),细胞在 37 $^{\circ}$ C、5%浓度的 CO $_2$ 、

表 1 PCR 扩增引物序列

引物	序列(5'→3')	T _m (°C)	产物/位置(bp)
PBase	F: <u>GGATCC</u> ATGGGTAGTTCTTTAGACGATG	60	1 785
	R: <u>GAATTC</u> TCAGAAACAACCTTTGGCAC		
SP1	CCTCGAGGTCGACGGTATCGATAA		5972~5995
SP2	ATGCGTCAITTTGACTCACGCG		6112~6133
SP3	GTCCTAAATGCACAGCGACGGATTC		6212~6236

注:下划线部分为酶切位点。

饱和湿度的培养箱中培养。

1.2.2 PB 转座子载体和辅助载体的构建

PB 转座子供体质粒 PB[CMV-EGFP]的构建过程如下:首先,用 Hpa I 和 Sma I 内切酶(TaKaRa 公司)酶切质粒 pXLBac II -Pub-nls-EGFP,回收长为 4.23 kb 的片段,回收的片段用 T4 DNA 连接酶(TaKaRa 公司)连接,得到含有 PB 骨架结构的 pXLBac II 质粒;然后,将质粒 pXLBac II 和 pEGFP-C1 分别进行 Mlu I 内切酶(TaKaRa 公司)酶切和 SAP 碱性磷酸酶(TaKaRa 公司)去磷酸化处理;最后,将处理后的两个片段用 T4 DNA 连接酶连接,得到含有 EGFP 标记的 PB 供体质粒 PB[CMV-EGFP](图 1)。

PB 转座子辅助质粒 pcDNA-PBase 的构建过程如下:以 phsPBac 质粒为模板,使用引物对 PBase-F/R (表 1)扩增 PBase 基因,扩增产物克隆到 pMD19-T 载体上,经 BamH I 和 EcoR I 酶切后,回收目的基因克隆到 pcDNA3.1(+)相应的多克隆位点上,得到 PB 转座酶辅助质粒 pcDNA-PBase(图 2)。

1.2.3 PB 转座子二元转座系统共转染牛耳组织成纤维细胞

构建好的 PB 二元转座系统共转染牛耳组织成

纤维细胞,转染实验严格按照哺乳动物成纤维细胞核电转染试剂盒(Lonza 公司)说明书进行。转染前 18~24 h 细胞传代,至转染时细胞汇合度达到 70%;收集细胞,进行计数。用含有 4.5 μg PB[CMV-EGFP]和 1.5 μg pcDNA-PBase 质粒的电转缓冲液悬浮 1×10⁶ 个细胞,立即转入电极杯,使用 Lonza 核电转仪自带的 U-023 体系进行电转,电转后立即将细胞加入含预热的 1.5 mL 培养基的 6 孔板中,补加 0.5 mL 培养基,混匀后放入培养箱培养。

转染后 24 h,将每孔细胞用 0.25%的胰酶(Hyclone 公司)消化,并接种于 10 cm 培养皿中,待细胞贴壁后加入含终浓度为 600 μg/mL G-418 的培养基进行筛选,连续筛选 2 w 后用维持浓度为 300 μg/mL 的 G-418 培养基维持筛选 1 w,获得稳定的转 EGFP 基因的阳性细胞,经扩大培养后冻存备用。

1.2.4 PB 转座子在牛基因组中整合位点研究

收集 EGFP 阳性细胞,利用动物细胞基因组小提试剂盒(天根生化)提取 DNA。在 PB 转座子 5' Bac 区设计 3 条引物 SP1、SP2、SP3(表 1),引物之间的间隔为 100~200 bp。以 EGFP 转基因牛细胞系基因组 DNA 为模板,严格按照基因组步移试剂盒

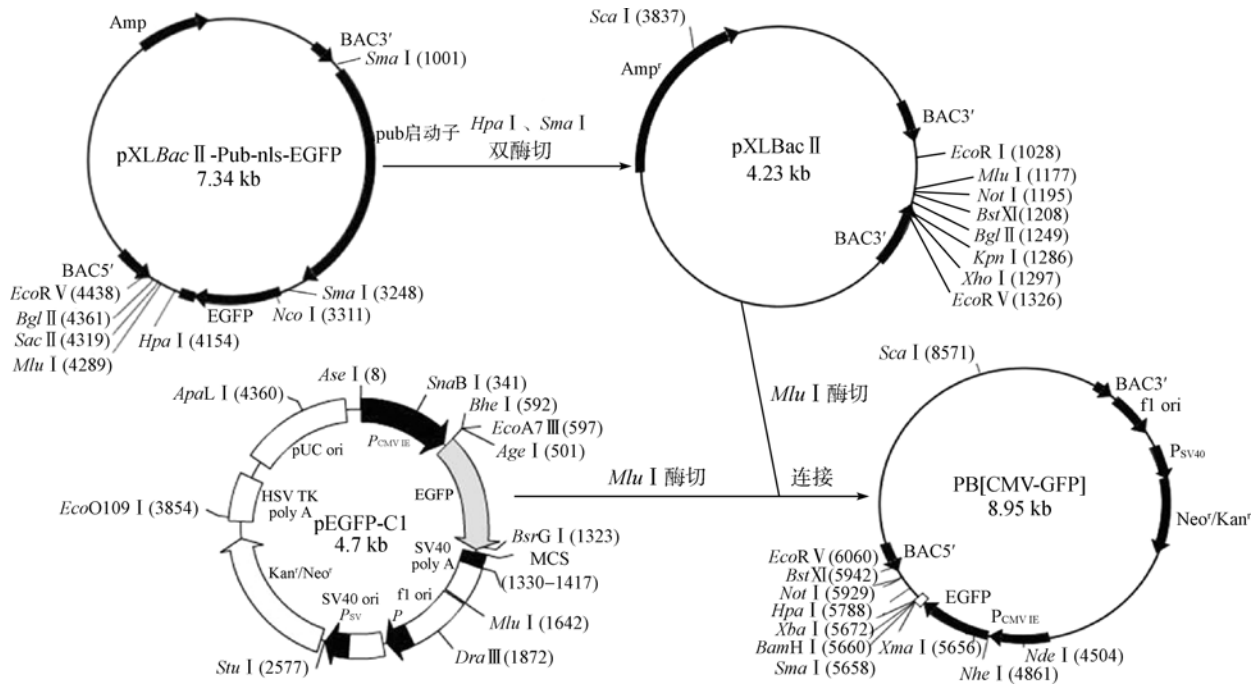


图 1 PB[CMV-GFP]载体的构建流程图

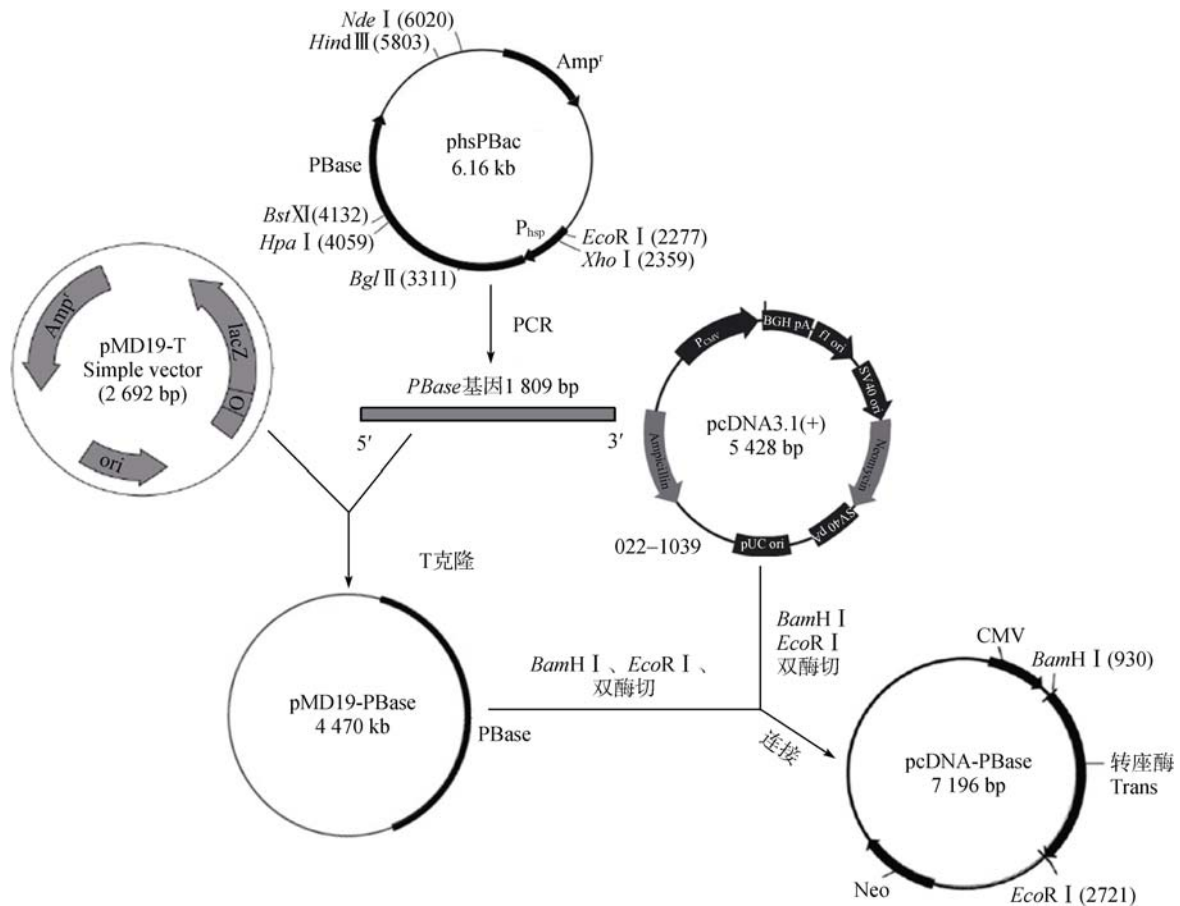


图 2 pcDNA-PBase 质粒构建流程图

(TaKaRa 公司)的步骤,经 3 轮巢式 PCR,在牛基因组上捕获 PB 转座子 5'端插入位置的 DNA 片段。将第 3 轮 PCR 产物进行琼脂糖凝胶电泳,回收所有条带。回收的片段克隆到 pMD19-T 载体上,送北京华大基因研究中心测序,测序结果与牛基因组进行 BLAST 比对,分析 PB 转座子在牛基因组中的整合位点,并总结其插入特征。

2 结果与分析

2.1 载体的构建

2.1.1 PB[CMV-EGFP]载体的构建

构建的 PB[CMV-EGFP]供体质粒用 *Mlu* 酶切,经琼脂糖凝胶电泳检测,得到大小为 4.23 kb 的 pXLBac 片段和大小为 4.7 kb 的 pEGFP-C1 片段,同时经 *Nhe* 酶切鉴定得到长度约 8.93 kb 的片段,表明载体构建成功(图 3)。测序结果显示,载体序列完全正确,没有碱基突变。

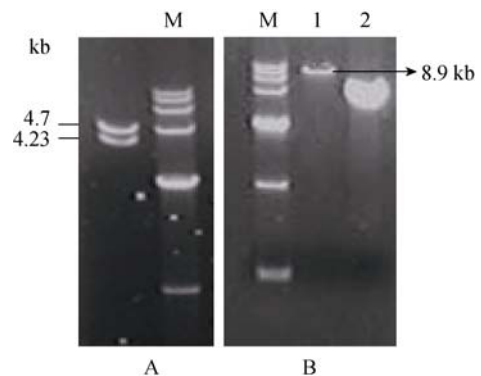


图 3 PB[CMV-EGFP]质粒酶切检测电泳图

A: PB[CMV-EGFP]质粒 *Mlu* 酶切电泳图; B: PB[CMV-EGFP]质粒 *Nhe* 酶切电泳图。1: PB[CMV-EGFP]质粒酶切电泳图; 2: 对照质粒电泳图; M: DL15000 Marker。

2.1.2 pcDNA-PBase 载体的构建

构建的 pcDNA-PBase 辅助质粒用 *Bam*H I 和 *Eco*R I 双酶切,经琼脂糖凝胶电泳检测,得到大小为 1 785 bp 的目的基因 *PBase* 和 5.4 kb 左右的空质

粒片段, 说明目的片段 *PBase* 成功插入到 pcDNA3.1 (+) 载体中。测序结果显示克隆载体中目的基因序列与 *phsPBac* 质粒中 *PBase* 序列完全一致。

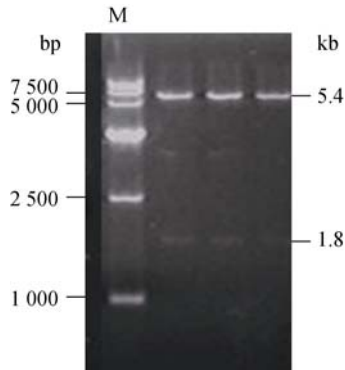


图 4 *pcDNA-PBase* 酶切检测电泳图
M: DL15000 marker。

2.2 *PB* 转座子二元转座系统共转染牛耳组织成纤维细胞

环化的质粒 *PB[CMV-EGFP]* 和 *pcDNA-PBase* 以细胞核电转染的方式共转染牛耳组织成纤维细胞, 经 G-418 连续筛选 21 d, 得到绿色荧光密集的细胞群(图 5), 表明获得了稳定转染 *EGFP* 的转基因细胞。

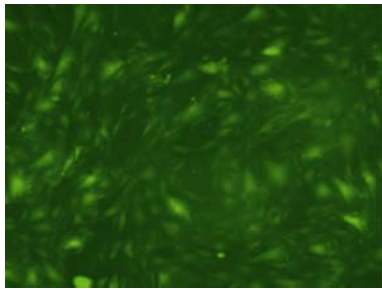


图 5 筛选 21 d 后 *EGFP* 转基因阳性克隆(20×)

2.3 *PB* 整合位点检测

以 *EGFP* 转基因阳性细胞基因组 DNA 为模板, 利用基因组步移试剂盒扩增 *PB* 转座子插入位置的 DNA 片段, 得到了 8 个有效的 *PB* 整合位点(表 2)。扩增片段与供体质粒 *PB[CMV-EGFP]* 比对发现: 仅在转座子的 5' 端内侧有同源序列, 表明 *PB* 转座子全部以转座的方式特异性的插入到牛基因组“TTAA”位置。分析整合位点“TTAA”相邻一侧的 5 个碱基

发现, *PB* 转座子倾向于插入到牛基因组的 GC 富集区, *PB* 插入位置的 GC(62.5%) 碱基数明显多于 AT(37.5%) 碱基数(图 6, $P < 0.05$)。将得到的片段与牛基因组序列进行核酸序列 BLAST 比对, 其中 5 个位点定位到染色体 1、2、11 和 X 染色体上, 且整合到基因间的非调控区。

表 2 *PB* 转座子在牛基因组中的转座位点

编号	邻接处基因组序列	染色体	插入位置
1	TTAATCGCCTTGACGACAT	2	基因间
2	TTAATTGCGTTGCGCTCAC	未知	
3	TTAAAGTCACTAGTATCCAA	11	基因间
4	TTAAGTTGGGTAACGCCAG	2	基因间
5	TTAATCTGATTTAAAAAT	X	基因间
6	TTAATGCAGCTGGCAGCAG	未知	
7	TTAATTGCGTTGCGCTCAC	未知	
8	TTAAGCCAGCCCCGACACC	1	基因间

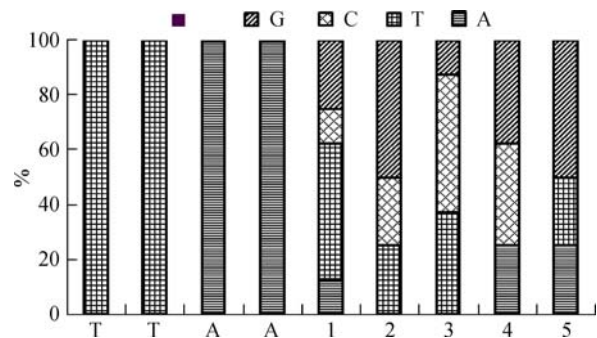


图 6 牛基因组中 *PB* 整合位点“TTAA”相邻 5 个碱基组成比例

3 讨论

启动子是基因表达调控的重要元件, 它能够控制基因表达的起始时间及表达程度。同样, 在转基因动物的生产中, 启动子的强弱也直接影响目的基因在宿主体内的表达效率。因此, 选择合适的启动子, 可以有效调节目的基因的表达, 是转基因成功的关键因素之一。通过分析 *PB* 转座子在不同哺乳动物个体及细胞中的研究发现, *CMV* 启动子和 *SV40* 启动子是目前使用频率较高的启动子。为了提高目的基因的表达效率, 本研究对 *PB* 转座系统的启动子进行了改造, 用 *CMV* 启动子分别替换了供体质粒 *pXLBac II -pub-nls-EGFP* 上多聚泛素启动子(*pub*)和辅助质粒 *phsPBac* 上热休克蛋白启动子(*hsp*)。

目前, *PB* 转座子在家蚕(*Bombyx mori*)^[22]、疟原虫(*Plasmodium falciparum*)^[13]、果蝇(*Drosophila melanogaster*)^[23]、小鼠(*Mus musculus*)^[6]、绒山羊(*Capra*)细胞^[24]以及体外培养的人类细胞^[25, 26]的转基因及遗传学研究发现, *PB* 转座子在宿主基因组中可特异性的插入到“TTAA”位置, 本研究也得到了相同的实验结果。此外, 通过分析插入位点“TTAA”相邻一侧的 5 个碱基组成发现, *PB* 转座子在牛基因组中倾向于插入到 GC 碱基富集区, 且插入位置 GC(62.5%)碱基含量明显多于 AT(37.5%)碱基, 这与绒山羊胎儿成纤维细胞的研究结果相同, 即 *PB* 转座子 5'区域倾向于插入 GC 碱基富集区^[24]; 而与家蚕^[22]、疟原虫^[13]及果蝇^[23]中的研究结果不同, *PB* 转座子在这些物种中倾向于插入 AT 碱基富集区。由此, 我们推测 *PB* 转座子在基因组的插入位置可能具有物种特异性。

通过分析 *PB* 转座子在不同物种中的插入位置, 可以看出 *PB* 转座子在宿主基因组中并非随机整合, 而是倾向于插入到基因的内含子区或两个基因之间。研究表明: *PB* 转座子在小鼠基因组中倾向于整合到基因的内含子区^[6]; 在 HEK293 和 HeLa 细胞中, 倾向于整合到基因的转录起始位点和长末端重复元件区域^[25]; 而在人 T 细胞中, 则倾向于整合到转录单位、CpG 岛和转录起始位点区域^[26]。由于琼脂糖凝胶电泳的分辨率, 无法同时分离大小比较相近的多个片段, 可能使部分整合位点信息遗漏掉, 因此, 本研究仅获得 8 个有效的整合位点。加之基因组数据库中存在空位和重复序列, 导致一些转座位点无法准确定位, 因此, 获得的 8 个整合位点, 仅有 5 个定位到染色体 1、2、11 和 X 性染色体上, 且全部整合到两个基因间的非调控区。表明利用 *PB* 转座子介导生产转基因牛, 外源基因倾向于插入两个基因之间, 一般不会影响牛本身基因的表达, 安全性较高。

本研究得到了 *PB* 转座子在牛耳组织成纤维细胞染色体中的一些插入位点, 并总结了其插入特点。尽管所得数目较少, 但还是初步探讨了 *PB* 转座子在牛基因组中的转座特性, 为利用 *PB* 转座子开展转基因牛研究提供了理论参考。

参考文献(References):

- [1] Nagy A, Gertsenstein M, Vintersten K, Behringer R. Manipulating the Mouse Embryo: A Laboratory Manual. 3rd ed. NY: Cold Spring Harbor Laboratory, 2003. DOI
- [2] VandenDriessche T, Ivics Z, Izsvák Z, Chuah MKL. Emerging potential of transposons for gene therapy and generation of induced pluripotent stem cells. *Blood*, 2009, 114(8): 1461–1468. DOI
- [3] 刘琳, 张美丽, 黄粤. DNA 转座子在小鼠基因功能研究中的应用. *遗传*, 2011, 33(5): 485–493. DOI
- [4] Fraser MJ, Smith GE, Summers MD. Acquisition of host cell DNA sequences by baculoviruses: relationship between host DNA insertions and FP mutants of *Autographa californica* and *Galleria mellonella* nuclear polyhedrosis viruses. *J Virol*, 1983, 47(2): 287–300. DOI
- [5] Fraser MJ, Brusca JS, Smith GE, Summers MD. Transposon-mediated mutagenesis of a baculovirus. *Virology*, 1985, 145(2): 356–361. DOI
- [6] Ding S, Wu XH, Li G, Han M, Zhuang Y, Xu T. Efficient transposition of the piggyBac (*PB*) transposon in mammalian cells and mice. *Cell*, 2005, 122(3): 473–483. DOI
- [7] 丁昇. 转座系统——哺乳动物遗传分析的新工具. 上海: 复旦大学, 2007. DOI
- [8] Lobo N, Li X, Fraser MJ Jr. Transposition of the PiggyBac element in embryos of *Drosophila melanogaster*, *Aedes aegypti* and *Trichoplusia ni*. *Mol Gen Genet*, 1999, 261(4–5): 803–810. DOI
- [9] Tateno M, Toyooka M, Shikano Y, Takeda S, Kuwabara N, Sezutsu H, Tamura T. Production and characterization of the recombinant human μ -opioid receptor from transgenic silkworms. *J Biochem*, 2009, 145(1): 37–42. DOI
- [10] Lynch AG, Tanzer F, Fraser MJ, Shephard EG, Williamson AL, Rybicki EP. Use of the PiggyBac transposon to create HIV-1 gag transgenic insect cell lines for continuous VLP production. *BMC Biotechnol*, 2010, 10: 30–42. DOI
- [11] González-Estévez C, Momose T, Gehring WJ, Saló E. Transgenic planarian lines obtained by electroporation using transposon-derived vectors and an eye-specific GFP marker. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, 100(24): 14046–14051. DOI
- [12] Morales ME, Mann VH, Kines KJ, Gobert GN, Fraser MJ Jr, Kalinna BH, Correnti JM, Pearce EJ, Brindley PJ. PiggyBac transposon mediated transgenesis of the human blood fluke, *Schistosoma mansoni*. *FASEB J*, 2007, 21(13): 3479–3489. DOI
- [13] Balu B, Chauhan C, Maher SP, Shoue DA, Kissinger JC, Fraser MJ, Adams JH. PiggyBac is an effective tool for functional analysis of the *Plasmodium falciparum* genome. *BMC Microbio*, 2009, 9: 83. DOI
- [14] Horn C, Wimmer EA. A versatile vector set for animal transgenesis. *Dev Genes Evol*, 2000, 210(12): 630–637. DOI
- [15] Lobo NF, Fraser TS, Adams JA, Fraser MJ. Inter plasmid

- transposition demonstrates *PiggyBac* mobility invertebrate species. *Genetica*, 2006, 128(1-3): 347-357. [DOI](#)
- [16] 周阳. 用 *PiggyBac* 转座子进行泥鳅转基因的初步研究. 苏州: 苏州大学, 2009. [DOI](#)
- [17] Lu YY, Lin CY, Wang XZ. *PiggyBac* transgenic strategies in the developing chicken spinal cord. *Nucleic Acids Res*, 2009, 37(21): e141. [DOI](#)
- [18] Park TS, Han JY. *piggyBac* transposition into primordial germ cells is an efficient tool for transgenesis in chickens. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2012, 109(24): 9337-9341. [DOI](#)
- [19] Nakanishi H, Higuchi Y, Kawakami S, Yamashita F, Hashida M. *PiggyBac* transposon-mediated long-term gene expression in mice. *Mol Ther*, 2010, 18(4): 707-714. [DOI](#)
- [20] Clark KJ, Carlson DF, Foster LK, Kong BW, Foster DN, Fahrenkrug SC. Enzymatic engineering of the porcine genome with transposons and recombinases. *BMC Biotechnol*, 2007, 7: 42. [DOI](#)
- [21] 郭瑜, 关伟军, 赖松家. 鲁西黄牛耳缘组织成纤维细胞的体外培养. 畜禽业, 2008, (4): 12-13. [DOI](#)
- [22] 徐汉福, 幸俊逸, 王职峰, 夏庆友. 外源 *piggyBac* 转座元件在转基因家蚕中的整合位点分析. 蚕学通讯, 2010, 30(1): 1-7. [DOI](#)
- [23] Li X, Harrell RA, Handler AM, Beam T, Hennessy K, Fraser MJ Jr. *piggyBac* internal sequences are necessary for efficient transformation of target genomes. *Insect Mol Biol*, 2005, 14(1): 17-30. [DOI](#)
- [24] 白丁平, 方堃, 杨明明, 屈雷, 陈玉林. *piggyBac* 转座子在绒山羊基因组中的整合位点及其特征分析. 中国农业科学, 2012, 45(5): 958-965. [DOI](#)
- [25] Wilson MH, Coates CJ, George AL Jr. *piggyBac* transposon mediated gene transfer in human cells. *Mol Ther*, 2007, 15(1): 139-145. [DOI](#)
- [26] Galvan DL, Nakazawa Y, Kaja A, Kettlun C, Cooper LJN, Rooney CM, Wilson MH. Genome-wide mapping of *piggyBac* transposon integrations in primary human T cells. *J Immunother*, 2009, 32(8): 837-844. [DOI](#)

• 综合信息 •

“第三届中国秀丽线虫学术研讨会”将在合肥召开

为了进一步加强国内以秀丽线虫为模式的生命科学研究, 促进国内外秀丽线虫及相关领域科研人员之间的学术交流, 研讨相关领域中的最新成果和进展, 凝聚中国线虫科研工作者的研究力量, 使以秀丽线虫为模式的科学研究为国民经济发展做出应有的贡献, 中国遗传学会拟于 2013 年 9 月 6~8 日在合肥举行“第三届中国秀丽线虫学术研讨会”, 诚邀国内外与秀丽线虫研究相关的学者和研究生踊跃参加。

一、主办单位

中国科学技术大学生命科学学院、中国遗传学会

二、承办单位

中国科学技术大学生命科学学院

三、组织委员会

蔡时青、丁梅、董梦秋、光寿红、黄勋、苗龙、欧光朔、单革、王晓晨、徐涛、杨崇林、张宏

四、论文摘要

会议接收秀丽线虫遗传、发育和应用等相关研究领域的论文摘要(英文)。字数限制在 500 字以内, 不用图表。会议学术报告将依据研究方向及摘要内容从与会代表中遴选, 优先考虑高年级博士生、博士后、新近建立实验室的 PI。论文摘要接收截止日期为 2013 年 8 月 9 日。

五、学术墙报

会议接收的墙报规格为 70cm(高)×100cm(宽), 英文。会议组委会将从参会墙报中评选优秀墙报若干。

六、会议时间、地点

会议时间: 2013 年 9 月 6 日-8 日 会议地点: 安徽省合肥市中科大生命科学学院

七、报名联系人:

中国科学技术大学生命科学学院 单革

E-mail: shange@ustc.edu.cn

电话: 0551-63606274

通讯地址: 安徽省合肥市黄山路 443 号, 邮编: 230027