

SLITRK6蛋白的生物信息学分析

冯志国^{1a,b}, 余春强^{1a}, 张在宝², 刘慧娟^{1a,b*}

(1. 琼台师范学院 a.理学院; b.热带生物多样性与资源利用实验室, 海南海口 571127;
2. 湖州学院 生命健康学院, 浙江 湖州 313000)

摘要: 通过生物信息学方法对SLITRK6蛋白结构进行预测分析。结果显示,其分子量为95 109.61 Da,理论等电点为6.07。该蛋白中亮氨酸(Leu)含量最高,为15.5%;其次为丝氨酸(Ser)和谷氨酸(Glu),分别为7.7%和6.9%,为亲水性蛋白。在600位置附近存在跨膜结构域。 α -螺旋、 β -折叠、无规则卷曲分别占10.46%、7.37%、82.17%。三维结构中无规则卷曲占主导地位。另外还找出其他物种中与该基因相同的家族成员,SLITRK6进化树显示脊椎动物分为爬行与鸟类、哺乳类和快速进化的两栖类分支,整体与系统发育预期一致。

关键词: SLITRK6蛋白; 物种进化; 生物信息学; 系统发育树

中图分类号: Q816

文献标志码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



The bioinformatic analysis of SLITRK6 protein

FENG Zhiguo^{1a,b}, YU Chunqiang^{1a}, ZHANG Zaibao², LIU Huijuan^{1a,b*}

(1a. School of Science; b. Tropical Biodiversity and Bioresource Utilization Laboratory,
Qiongtai Normal University, Haikou 571127, China;

2. School of Life and Health Science, Huzhou College, Huzhou 313000, China)

Abstract: The structure of SLITRK6 protein was predicted and analyzed through bioinformatics methods. The results revealed a molecular weight of approximately 95 109.61 Da and a theoretical isoelectric point (pI) of 6.07. Leucine (Leu) was the most abundant amino acid (15.5%), followed by serine (Ser, 7.7%) and glutamic acid (Glu, 6.9%), classifying it as a hydrophilic protein. A transmembrane domain was identified around position 600. Secondary structure composition comprised α -helices (10.46%), β -turns (7.37%), random coils (82.17%). Random coils prevailed in the three-dimensional structure. Phylogenetic analysis identified homologous SLITRK6 family members across species. The evolutionary tree demonstrated vertebrate clustering into distinct branches: reptiles and birds, mammals, and a rapidly evolving amphibian clade, consistent with established phylogeny.

Key words: SLITRK6 protein; molecular evolution; bioinformatics; phylogenetic tree

0 引言

SLITRK蛋白家族(Slit and NTRK like family)由控制突触生长的神经元跨膜蛋白组成,该家族是一类新发现的调节神经突触生长的因子,涉及突触形成、轴突导向和神经元分化等过程,含有富含亮氨酸重复(LRR)结构域和类似神

经生长因子受体(NTRK)的羧基端^[1],与人类多种疾病的发生和治疗密切相关,但它们调节突触生长的作用不同。SLITRK6(Slit and NTRK-like family member 6)蛋白是由SLITRK6基因编码的多肽,属于SLITRK家族的一个成员。近年来,随着高通量测序、蛋白质结构预测和生物信息学技术的快速发展,SLITRK6的分子特性及其在癌

收稿日期:2025-04-17;修回日期:2025-06-24;*.通信联系人,E-mail:liuhunjuan77@126.com

基金项目:国家自然科学基金项目(32170351);海南省自然科学基金面上项目(321MS0785)

作者简介:冯志国(1979—),男,河南安阳人,副教授,博士,主要从事生物活性多肽和生物信息学研究;刘慧娟(1977—),女,河南平顶山人,讲师,博士,主要从事分子生物学和生物信息学研究。

引用格式:冯志国,余春强,张在宝,等.SLITRK6蛋白的生物信息学分析[J].信阳师范大学学报(自然科学版),2026,39(1):109-116.

FENG Zhiguo, YU Chunqiang, ZHANG Zaibao, et al. The bioinformatic analysis of SLITRK6 protein[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2026, 39(1):109-116.

症、遗传性疾病和神经发育中的功能逐渐受到关注。例如,ARUGA^[2]通过基因表达模式分析发现,SLITRK6 在小鼠胚胎的耳蜗、视网膜及中枢神经系统中呈现特异性表达,并且该学者在此后的实验中发现缺乏 *SLITRK6* 基因的小鼠神经发育存在异常^[3],这些发现都在提示其在神经发育中的重要性。

癌症是全球重要的公共卫生问题,目前已成为我国居民主要死亡因素之一。据统计,2000—2018年,中国居民总体癌症发病率呈上升趋势,并将持续到2035年^[4-5]。而癌症的早期诊断对癌症治疗至关重要^[6],因此,寻找一种能够识别癌症的标志物和治疗癌症的靶点,对于癌症患者来说意义深远。*SLITRK6*最初被鉴定为神经系统发育相关基因,但在癌症研究中,其在肿瘤发生和发展中的潜在功能逐渐显现。例如,*SLITRK6*在肺腺癌^[7]、乳腺癌^[8]、膀胱癌^[9]和结直肠癌^[10]等癌症组织中表达显著高于癌旁正常组织,且与患者不良预后相关。此外,*SLITRK6*在多种癌症中表现出差异表达,尤其在尿路上皮癌(Urothelial carcinoma, UC)中显著上调。MIR等^[11]利用定量逆转录聚合酶链反应和免疫组织化学发现,*SLITRK6*在上尿路尿路上皮癌(UTUC)中的mRNA表达水平较膀胱尿路上皮癌(UBUC)高出4倍($p < 0.0001$),表明其作为诊断标志物的潜力。

在癌症以外的领域,*SLITRK6*与遗传性疾病的关联也备受关注。SALIME等^[12]发现,*SLITRK6*基因突变以常染色体隐性方式导致耳聋-近视综合征,突变蛋白在细胞表面定位缺陷,导致小鼠模型中眼轴长度增加和听觉功能障碍。

生物信息学技术为*SLITRK6*的理化性质分析提供了强有力的工具。例如,序列分析可通过工具(如ExPASy)预测蛋白质的氨基酸组成、等电点、分子量等,亲疏水性可用ProtScale进行预测^[13-16]。本研究旨在利用生物信息学方法,系统解析*SLITRK6*蛋白的理化性质,探讨其结构与功能的关系,为癌症诊断、治疗靶点开发和遗传病研究提供支持。

1 材料与方 法

1.1 *SLITRK6* 蛋白序列的获取

为研究*SLITRK6*蛋白的结构特性,进入美国国家生物技术信息中心(NCBI)主页([http://](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)

www.ncbi.nlm.nih.gov/),查找Protein数据库,使用“*SLITRK6*”作为关键词进行检索。通过此次检索,成功获取多个物种的*SLITRK6*蛋白序列文件。结果显示蛋白质数据库中有868条记录,其中第11位、登录号为NP_115605.2的记录是人体内表达的蛋白质记录,根据研究需求,筛选出符合条件的序列记录。点击目标记录后,系统将展示相应的详细信息,随后通过选择“File\FASTA”功能选项,可将所需的序列数据文件保存至本地计算机。

1.2 *SLITRK6* 蛋白的理化性质及结构分析

采用多种生物信息学分析工具对*SLITRK6*蛋白进行全面的分析。首先,采用瑞士生物信息学研究所开发的ExPASy平台(Expert Protein Analysis System, <http://web.expasy.org/protparam/>)对目标*SLITRK6*蛋白进行理化性质分析,主要检测指标涵盖分子量、等电点、氨基酸构成比例、摩尔消光系数、脂肪族指数和总体平均疏水性等关键参数。在此基础上,进一步运用ProtScale在线程序(<http://web.expasy.org/protscale/>)完成蛋白质亲疏水性质的计算预测。接着,借助SignalP 6.0预测服务器(<https://services.healthtech.dtu.dk/services/SignalP-6.0/>)识别并分析该蛋白质序列中可能存在的信号肽结构,以判断其分泌途径。为了分析蛋白质的跨膜区域,采用了DeepTMHMM服务器(<https://dtu.biolib.com/DeepTMHMM>)。此外,使用PSIPRED(<http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>)对蛋白质的二级结构进行了预测,并分析其 α 螺旋和 β 片层的分布特征。最后,通过Swiss-model Workspace(<http://swissmodel.expasy.org>)对*SLITRK6*蛋白的三维结构进行建模,揭示其空间构象特征。

1.3 *SLITRK6* 蛋白多物种的多重聚类分析

为了深入研究*SLITRK6*蛋白的进化特征,从NCBI蛋白质数据库中以“*SLITRK6*”为关键词进行系统检索,涵盖鱼类、两栖类、爬行类、鸟类和哺乳类。通过筛选和随机抽样选择代表性物种的蛋白质序列,并将其保存为FASTA格式的文件。使用TBtools软件对这些序列文件进行合并处理。通过Xshell终端工具将合并后的文件上传至本地服务器数据库中,进一步开展分析工作。在MEGA11软件中单击“Align”菜单,选择“Edit/

Build Alignment”功能选项来创建新的蛋白质序列比对工程。将前期保存的“All sequence.FASTA”格式文件导入软件中,随后运用MUSCLE比对算法执行多条序列的比对分析操作。比对完成后,将结果文件命名为“All SLITRK6 sequence.mas”,以便后续分析使用。为了探究SLITRK6蛋白的进化关系,使用IQ-TREE软件自动选择最优进化模型,完成蛋白质序列的进化树构建,并将结果文件命名为“sequence.treefile”。接下来,访问ITOL

(Interactive Tree of Life,网址:https://itol.embl.de/)在线平台,对构建的进化树进行可视化编辑和优化,得到清晰的进化树图。

2 结果与分析

2.1 SLITRK6 蛋白信息

从NCBI网站中下载SLITRK6的蛋白质序列(图1),保存为FASTA格式,便于后续的生物信息学分析。SLITRK6共有841个氨基酸残基。

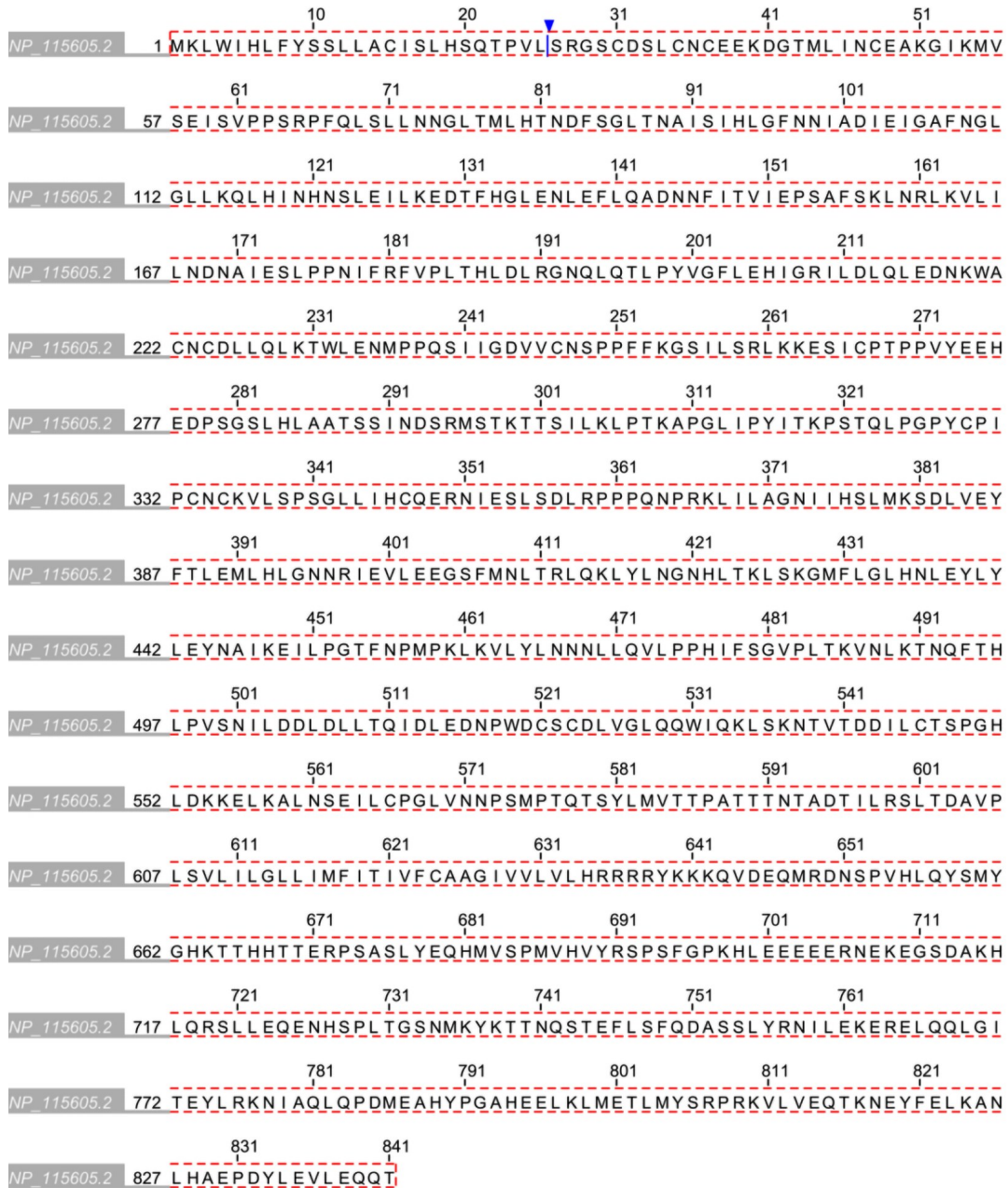


图1 利用Jalview显示的SLITRK6的部分蛋白序列

Fig. 1 Partial protein sequence of SLITRK6 displayed using Jalview

2.2 SLITRK6 蛋白的理化性质

通过多种在线生物信息学工具对 SLITRK6 蛋白的理化特性进行系统性分析,结果显示该蛋白由 841 个氨基酸残基构成,相对分子质量为 95 109.61 Da,归属于中大分子量蛋白。

从电荷特性角度分析,该蛋白的理论等电点数值为 6.07,接近中性环境的 pH 值,表明在正常生理条件下蛋白质表面携带轻微负电荷,这种电荷分布特征有利于通过微弱的静电相互作用与正电荷分子发生结合反应。

稳定性评估结果表明,SLITRK6 蛋白的不稳定指数达到 55.52,远超稳定蛋白质的临界标准值 40,提示该蛋白质结构相对不稳定。这种不稳定特性可能与其生物学功能的动态调节机制密切相关,推测其可能承担短效信号传导分子或应激反应调节蛋白的作用。

2.3 SLITRK6 蛋白的亲疏水性

SLITRK6 蛋白的亲疏水性预测结果见图 2,其脂肪系数为 99.68,疏水性评估系数为 -0.239,表明该蛋白质具有亲水性特征。氨基酸组成分析结果显示,亮氨酸残基在该蛋白中的含量最为丰富,占总氨基酸数量的 15.5%,其后依次为丝氨酸残基和谷氨酸残基,含量分别为 7.7% 和 6.9%。这种氨基酸分布模式进一步证实了该蛋白质结构中疏水性和极性区域的合理配置。

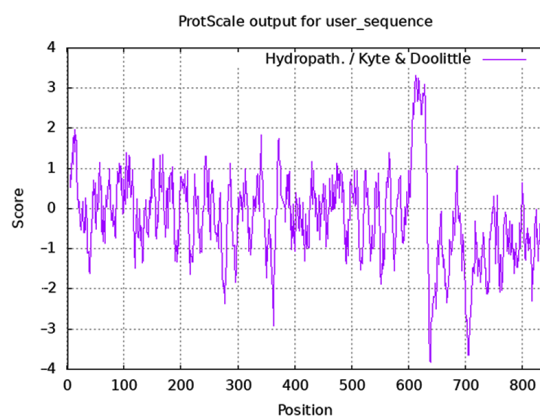


图 2 SLITRK6 蛋白氨基酸亲水性/疏水性轮廓

Fig. 2 Hydropathy profile of SLITRK6 protein amino acid sequence

2.4 SLITRK6 蛋白的信号肽预测

信号肽预测结果显示,该蛋白含有信号肽,并预测了信号肽的剪切位点。信号肽的存在意味着该蛋白质是分泌蛋白,功能可能涉及细胞间信号传递、酶活性或其他细胞外活动,能够通过细胞的分泌途径运输出细胞。这种蛋白质可能通过内质网-高尔基体分泌途径进行分泌。根据 SignalP 预测结果,信号肽的 C-score 为 0.6,表明信号肽的长度大约在第 20—第 25 个氨基酸。具体的剪切位点可能位于序列的第 18—第 20 位。具体的信号肽预测结果如图 3 所示。

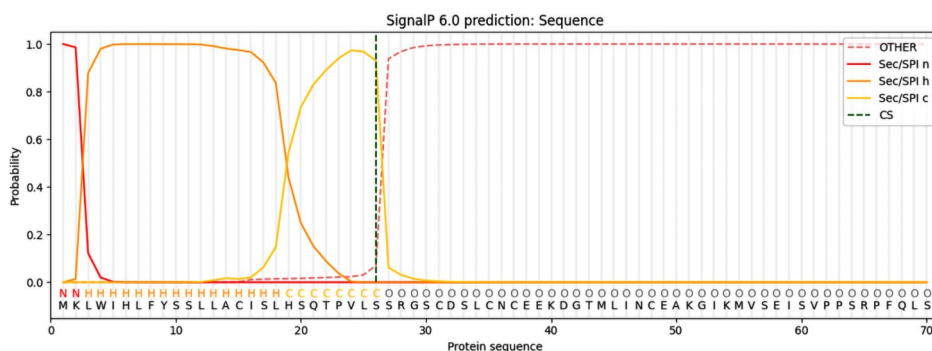


图 3 SLITRK6 蛋白信号肽预测结果

Fig. 3 Signal peptide prediction of SLITRK6 protein

注 Protein type: Likelihood; OTHER: 0.001 3; Signal Peptide (Sec/SPI): 0.998 7。

2.5 SLITRK6 蛋白跨膜结构域的预测和分析

利用在线软件 DeepTMHMM,对 SLITRK6 蛋白进行跨膜结构分析,结果显示,SLITRK6 蛋白在 600 左右位置处存在跨膜结构域,见图 4。

2.6 SLITRK6 蛋白的二级结构域分析

蛋白质的生物学功能由空间结构决定。蛋白

质的二级结构主要包括 α -螺旋、 β -折叠、 β -转角和无规则卷曲等构象。利用 PSIPRED 对 SLITRK6 蛋白二级结构进行预测,预测结果见图 5。该蛋白质的二级结构中无规则卷曲区域占据主导地位,比例高达 82.17%,而 α -螺旋结构仅占 10.46%, β -折叠片段则占 7.37%。这种结构分布模式表明

SLITRK6蛋白质具有相当高的结构柔性,表示其可能兼具结构稳定性与功能动态性,适配于信号传递、核酸结合或多分子复合物组装等过程。

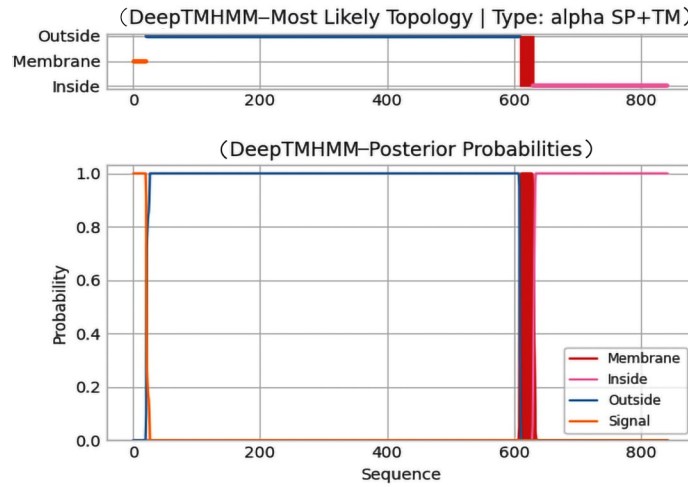


图4 SLITRK6蛋白跨膜区预测结果

Fig. 4 Transmembrane domain prediction of SLITRK6 protein

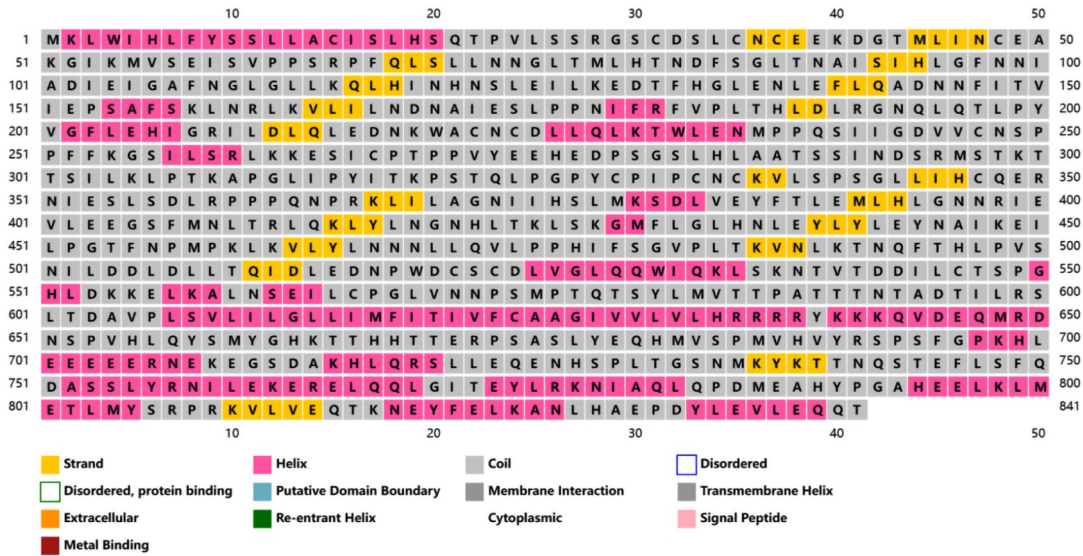


图5 SLITRK6蛋白二级结构预测结果

Fig. 5 Secondary structure prediction of SLITRK6 protein

2.7 SLITRK6蛋白的三维结构构建

蛋白质三维结构的预测对研究蛋白质的功能至关重要,通过氨基酸的一级结构,基于从头预测法和同源建模法在理论上预测蛋白质的三维结构。打开 Exspasy 平台,选择 SWISS-MODEL 工具,基于已知的同源蛋白结构,对 SLITRK6 蛋白进行同源建模,构建了 SLITRK6 蛋白的三维结构模型(图6)。预测结果表明,该蛋白的三维结构中无规则卷曲占主导地位(占比较高),这是蛋白质

结构中常见的构象特征。

2.8 SLITRK6 家族在常见模式生物中分布情况

通过 InterPro 网站,对 SLITRK6 蛋白序列进行分析,发现该蛋白含有一个高度保守的结构域——LRR_8,对应 PFAM 编号为 PF13855。该结构域由富含亮氨酸的重复序列组成,这些保守的亮氨酸残基对 LRR_8 结构域的二级结构具有决定性作用。LRR 结构域的特征是一个由螺旋和弯曲结构共同作用形成的马蹄形超螺旋结构,内部

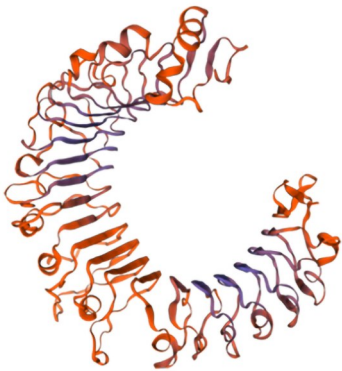


图 6 SLITRK6 蛋白三维结构模型预测

Fig. 6 Predicted three-dimensional structural model of SLITRK6 protein

为卷曲的 β 片层,外部为 α 螺旋^[17]。这个结构域的 β 片层具有高度保守的序列特征,这一特性决定了LRR_8与配体的特异性结合能力。这种结构特征使得SLITRK6能够与特异性配体结合,或参与蛋

白间相互作用,这与其在神经发育中的功能相关。

在NCBI蛋白质数据库中,以“SLITRK6”为关键词进行检索,成功获取了包括黑猩猩(*Pan troglodytes*)、猕猴(*Macaca mulatta*)、多疣壁虎(*Gekko japonicus*)、红耳彩龟(*Trachemys scripta elegans*)、扬子鳄(*Alligator sinensis*)、红原鸡(*Gallus gallus*)、热带爪蟾(*Xenopus tropicalis*)、原鳍鱼(*Protopterus annectens*)、噬人鲨(*Carcharodon carcharias*)、拉蒂迈鱼(*Latimeria chalumnae*)、斑马鱼(*Danio rerio*)、小鼠(*Mus musculus*)和人类(*Homo sapiens*)等13个物种的SLITRK6蛋白质序列。所有序列均以Fasta文件格式保存在本地,并通过TBtools软件进行合并处理。此外,还利用MEME(Multiple Em for Motif Elicitation)在线平台对这些SLITRK6蛋白序列进行了motif检测分析,以确保这些序列均保有典型的SLITRK6蛋白结构域,结果见图7。

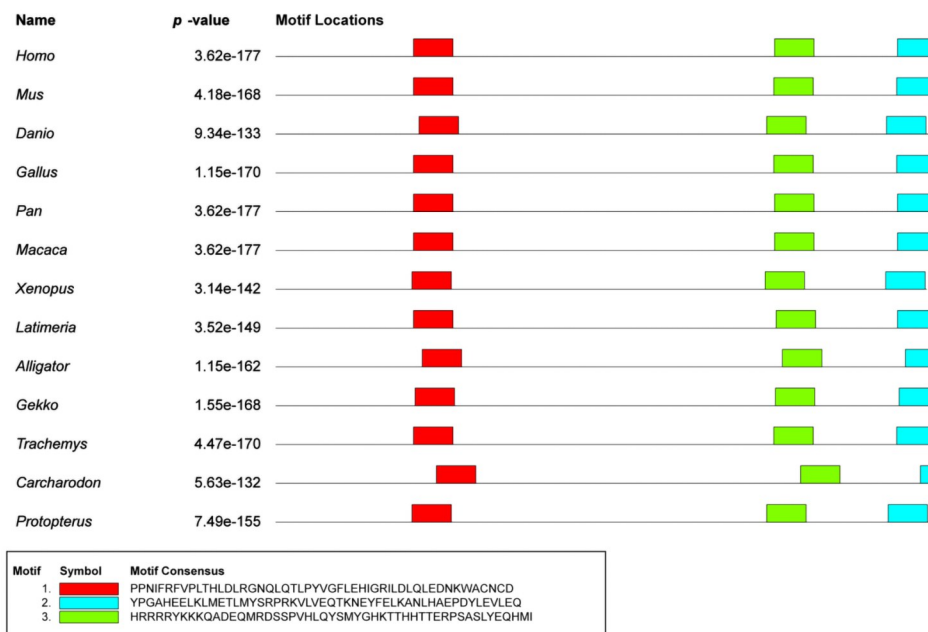


图 7 13 个物种 SLITRK6 蛋白的 motif 模型

Fig. 7 Conserved motif patterns of SLITRK6 protein across thirteen species

通过MEGA11软件中的MUSCLE算法,对13个物种的SLITRK6蛋白进行比对和进化分析,通过IQ-TREE得到进化树后,进一步优化进化树的展示效果,最终获得清晰的进化树图示(图8)。

从图8中可以直观地看到,SLITRK6蛋白序列的进化关系呈现出明确的分组模式:爬行动物形成一个独立的分支,鱼类物种聚为另一分支,而哺乳动物则形成较为紧密的群体,灵长目和啮齿

目又相对较疏远。扬子鳄(*Alligator sinensis*)与红原鸡(*Gallus gallus*)位于同一分支,符合爬行类与鸟类的近缘关系。热带爪蟾(*Xenopus tropicalis*)单独分支,且分支长度较长,提示其SLITRK6基因在两栖类中可能经历了快速进化,可能与两栖类的变态发育有关。人类与其他哺乳类的SLITRK6蛋白高度相近,但在灵长类动物中,猕猴独自形成一个进化分支,说明人类与黑猩猩的

亲缘关系更近,与猕猴亲缘关系相对较远。此外,该蛋白在这些物种中的进化可能与地理分布存在某种潜在联系。这一进化树的结构结果与预期的系统发育关系基本一致,为后续的分析提供了重要的可视化依据。

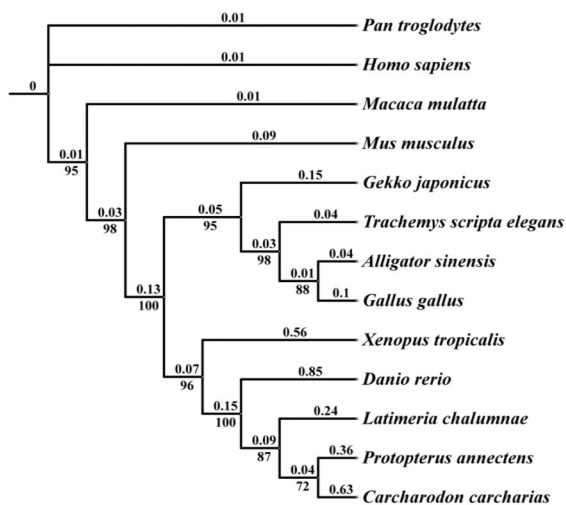


图8 SLITRK6蛋白在多个物种中的进化树

Fig. 8 Phylogenetic tree of SLITRK6 protein across species

3 结束语

SLITRK6蛋白作为跨膜受体蛋白,通过其I型跨膜结构实现膜定位,其中信号肽引导蛋白质正确分泌至细胞膜,LRR结构域延伸至胞外空间参与细胞间识别与结合。蛋白质的理化性质分析(分子量95.1 kDa,等电点6.07,亲水性特征)表明其适合作为膜受体蛋白发挥信号转导功能。这一结构功能关系体现了跨膜受体蛋白设计的普遍性原理,即通过空间分离的功能域实现信号的跨膜传递。

进化分析揭示了SLITRK6基因在脊椎动物中的高度保守性,特别是功能关键的LRR结构域,

参考文献:

- [1] 靳雁斌, 范文红, 范明. *Slitrk* 基因家族的研究进展[J]. 国际病理科学与临床杂志, 2006, 26(2): 159-161, 165. JIN Yanbin, FAN Wenhong, FAN Ming. Progression of *Slitrk* genes [J]. International Journal of Pathology and Clinical Medicine, 2006, 26(2): 159-161, 165.
- [2] ARUGA J. *Slitrk6* expression profile in the mouse embryo and its relationship to that of *Nlrr3* [J]. Gene Expression Patterns, 2003, 3(6): 727-733.
- [3] KATAYAMA K I, ZINE A, OTA M, et al. Disorganized innervation and neuronal loss in the inner ear of *slitrk6*-deficient mice [J]. PLoS ONE, 2009, 4(11): 7786.
- [4] HAN Bingfeng, ZHENG Rongshou, ZENG Hongmei, et al. Cancer incidence and mortality in China, 2022 [J].

这种保守性反映了该蛋白在神经系统发育中不可替代的重要作用。这一发现符合重要功能蛋白在进化过程中维持序列稳定性的普遍规律,为理解神经发育调控机制的进化起源提供了重要线索。

两栖类动物的SLITRK6蛋白可能经历了相对快速的进化过程,这一现象与该蛋白在其他脊椎动物中的高度保守性形成对比。这种进化模式的生物学意义及其与两栖类动物特殊生活环境的关系仍需进一步探讨。

SLITRK6蛋白的不稳定系数较高(55.52),这与其作为膜受体蛋白需要维持稳定结构的功能要求似乎存在矛盾。这种结构不稳定性可能反映了该蛋白在特定生理条件下的动态调控特征,但其具体的稳定性调控机制仍不明确。

此外,基于生物信息学预测的三维结构模型中无规则卷曲比例较高,这种结构特征如何与蛋白质的具体功能相关联,以及是否存在未被识别的结构化功能域,仍需通过实验手段进一步验证。

在理论层面,本研究丰富了对SLITRK家族蛋白结构功能关系的认识,为理解神经突触形成与维持的分子机制提供了重要的理论基础。研究结果支持了SLITRK6蛋白在神经发育过程中发挥关键调控作用的假设,完善了神经生物学理论体系。

在实用价值方面,SLITRK6蛋白在肿瘤组织中的差异表达特征使其具备作为肿瘤诊断标志物的潜在价值。该蛋白的跨膜受体特性和胞外功能域的存在为开发靶向治疗策略提供了结构基础。研究结果为后续的药物靶点验证和治疗方法开发提供了重要的理论指导。

本研究的生物信息学发现还存在许多局限性,在未来期望结合实验数据验证SLITRK6蛋白的功能机制,期待SLITRK6蛋白能够从分子机制解析走向临床转化,最终实现从基础发现到临床应用的新阶段。

- Journal of the National Cancer Center, 2024, 4(1): 47-53.
- [5] PEI Wei, LI Jia, LEI Shengxi, et al. Burden of major cancers in China attributable to modifiable risk factors: Predictions from 2012 to 2035[J]. International Journal of Cancer, 2025, 156(7): 1369-1379.
- [6] ZHOU Ran, TANG Xiwen, WANG Yuan. Emerging strategies to investigate the biology of early cancer[J]. Nature Reviews Cancer, 2024, 24(12): 850-866.
- [7] YU Fangyuan, ZHAO Xinya, LI Mingtao, et al. SLITRK6 promotes the progression of lung adenocarcinoma by regulating PI3K/AKT/mTOR signaling and Warburg effect[J]. Apoptosis, 2023, 28(7): 1216-1225.
- [8] SHEN Wanwan, LU Haotian, XIAO Yang, et al. Abstract 2050: Preclinical characterization of PRO1106, a novel and promising SLITRK6-directed sesutecan ADC[J]. Cancer Research, 2024, 84(6): 2050.
- [9] ZHENG Yue, WANG Xin, YANG Xiaofeng, et al. Single-cell RNA sequencing reveals the cellular and molecular characteristics of high-grade and metastatic bladder cancer[J]. Cellular Oncology, 2023, 46(5): 1415-1427.
- [10] SUN Xiaojiao, ZHANG Junling, DONG Bingqi, et al. Targeting SLITRK4 restrains proliferation and liver metastasis in colorectal cancer via regulating PI3K/AKT/NFκB pathway and tumor-associated macrophage [J]. Advanced Science, 2025, 12(1): 2400367.
- [11] MIR M A, PANDITH A A, MANSOOR S, et al. Differential expression of *SLITRK6* gene as a potential therapeutic target for urothelial carcinoma in particular upper tract cancer[J]. Gene, 2023, 878: 147583.
- [12] SALIME S, RIAHI Z, ELRHARCHI S, et al. A novel mutation in *SLITRK6* causes deafness and myopia in a Moroccan family[J]. Gene, 2018, 659: 89-92.
- [13] 冯志国, 王一帆, 李琳, 等. 抗菌肽 SK66 的生物信息学分析[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2022, 35(2): 196-201.
- FENG Zhiguo, WANG Yifan, LI Lin, et al. The bioinformatics analysis of the antibacterial peptide SK66[J]. Journal of Xinyang Normal University(Natural Science Edition), 2022, 35(2): 196-201.
- [14] 李娟, 肖正涛, 洪礼伟, 等. 丹参 *LBD26* 基因的克隆和表达分析[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2025, 38(1): 111-116.
- LI Juan, XIAO Zhengtao, HONG Liwei, et al. Cloning and expression analysis of *LBD26* gene in *Salvia miltiorrhiza* [J]. Journal of Xinyang Normal University(Natural Science Edition), 2025, 38(1): 111-116.
- [15] 王艳, 叶凡, 王坤, 等. 茶树 *GASA* 基因家族的生物信息学分析[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2025, 38(1): 24-33.
- WANG Yan, YE Fan, WANG Kun, et al. Bioinformatics analysis of *GASA* gene family in tea tree[J]. Journal of Xinyang Normal University(Natural Science Edition), 2025, 38(1): 24-33.
- [16] 杨明勇, 麦晓雯, 张在宝, 等. 斑马鱼肌肉 *Smyd1a* 蛋白生物信息学分析[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2023, 36(4): 575-579.
- YANG Mingyong, MAI Xiaowen, ZHANG Zaibao, et al. Bioinformatics analysis of zebrafish muscle development with *Smyd1a*[J]. Journal of Xinyang Normal University(Natural Science Edition), 2023, 36(4): 575-579.
- [17] ENKHBAYAR P, KAMIYA M, OSAKI M, et al. Structural principles of leucine-rich repeat (LRR) proteins[J]. Proteins-Structure Function and Bioinformatics, 2004, 54(3): 394-403.

责任编辑:任长江