

# 氧化亚铁硫杆菌铜代谢基因 *Afe0329* 的转录子鉴定及分析

罗焱杰 廖荷欢 张成桂 管 昊 罗海浪 刘学端\* 邱冠周

(1. 中南大学资源加工与生物工程学院 长沙 410083)

(2. 中南大学生物冶金教育部重点实验室 长沙 410083)

**摘 要:** 采用 reverse transcriptase PCR 技术, 研究了嗜酸氧化亚铁硫杆菌(*Acidithiobacillus ferrooxidans*)标准菌株 ATCC23270 中铜代谢基因 *Afe0329* 的转录子情况; 用 Vector NTI、Blast、TMHMM Server 和 PSORTb 等软件对此转录子中的各基因做了进一步的生物信息学分析; 并用此转录子的引物扩增多种细菌 DNA, 以鉴定此转录元件在 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中的普遍性。结果表明基因 *Afe0329*, *Afe0330* 和 *Afe0331* 一起转录, 处于同一个转录子; 基因 *Afe0329* 为编码定位于膜上 P1b3 型 ATP 酶基因, *Afe0330* 为编码定位于细胞质中的蛋白基因, *Afe0330* 和 *Afe0331* 的 Blast 分析都没有意义的同源性序列; 且此转录元件普遍存在于 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中。

**关键词:** 氧化亚铁硫杆菌, P 型 ATP 酶, 铜代谢, 转录子, Reverse transcriptase PCR

## Identification and Analysis of *Afe0329* Transcripton Relative to Copper Homeostasis in *Acidithiobacillus ferrooxidans*

LUO Yan-Jie LIAO He-Huan ZHANG Cheng-Gui GUAN Hao  
LUO Hai-Lang LIU Xue-Duan\* QIU Guan-Zhou

(1. School of Resources Processing and Bioengineering, Central South University, Changsha 410083)

(2. Key Laboratory of Biomaterials of Ministry of Education, Central South University, Changsha 410083)

**Abstract:** With reverse transcriptase PCR, the transcripton of copper homeostasis relative gene *Afe0329* in *Acidithiobacillus ferrooxidans* standard strain ATCC23270 was investigated. The further analysis of genes in this transcripton was analyzed employed by Vector NTI, Blast, TMHMM Server, PSORTb software and so on. From the DNA of different strains, the transcripton of *Afe0329* was amplified using special primer pairs to identify the universality of it in the genome of *A. ferrooxidans* strains. The results showed that gene *Afe0330* and *Afe0331* were cotranscribed with *Afe0329*, and they were in a single transcripton. Gene *Afe0329* was supported to express a P1b3-type ATPase which is a heavy metal ion pumping transmembrane protein, protein AFE0330 which expressed by gene *Afe0330* was a cytoplasmic protein, no significant homologous sequences of *Afe0330* or *Afe0331* had been obtained by Blast analysis. And the transcripton of *Afe0329* was universal in genome of *A. ferrooxidans* strains.

**Keywords:** *Acidithiobacillus ferrooxidans*, P-type ATPase, Copper homeostasis, Transcription, Reverse transcriptase PCR

铜作为许多氧化还原酶的辅因子, 如细胞色素氧化酶、超氧化物歧化酶、多巴胺 β - 羟化酶等, 在生物体的新陈代谢中, 发挥着十分重要的作用。是所有生物必不可少的微量元素。但是, 过高浓度的铜离子却对生物有毒害作用, 这主要是因为铜离子能使脂类和蛋白质氧化, 产生过多的自由基, 这对生物体是非常不利的。实际上, 也正是因为这些特性, 铜的化合物, 特别是硫酸铜, 已被广泛作为饲料添加剂和杀菌剂。

因此, 维持机体铜的平衡对所有生物体来说就显得十分重要。研究生物体维持铜平衡的机理也一直一直是基础研究中的重要领域<sup>[1,2]</sup>。氧化亚铁硫杆菌 (*Acidithiobacillus ferrooxidans*), 一种在微生物冶金中起着重要作用的细菌, 能够在高浓度重金属离子和质子环境下生长<sup>[3]</sup>。研究这种在极端环境下生长的细菌的铜代谢机理, 对整个生物维持铜平衡机理的研究有着十分典型的意义。

但是, *A. ferrooxidans* 铜代谢机理的遗传学研究, 目前报道还比较少<sup>[4,5]</sup>。除了 TIGR 数据库中 *A. ferrooxidans* ATCC23270 全基因组序列中注释的与铜代谢有关的 4 个基因外(<http://www.tigr.org>), 用实验的方法得到鉴定的铜代谢基因还没有见有报道。本实验室研究发现, 在 TIGR 数据库中被注释的 4 个与铜代谢有关的基因中, 其中登录号为 AFE\_0329(在此文章中将其基因命名为 *Afe0329*, 其表达的蛋白质命名为 AFE0329), 被认为在这一过程中起着很大的作用, 是 *A. ferrooxidans* 铜代谢的一个关键的基因之一<sup>[6]</sup>。而在微生物基因组中, 功能相关的基因经常处在同一操纵子中, 甚至是处于同一转录子中。本文研究了 *Afe0329* 的转录子情况; 并且对此转录元件在 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中的普遍性进行了鉴定。

1 材料和方法

1.1 菌株和生长条件

*A. ferrooxidans* ATCC23270, *Leptospirillum ferrooxidans* ATCC53992, *Acidobacterium capsulatum* ATCC51757 均购自美国 ATCC 菌种保藏中心。 *A. ferrooxidans* F1, *A. ferrooxidans* F3, *A. ferrooxidans*

F15, *A. ferrooxidans* F16 为本实验室自不同地域分离的 *A. ferrooxidans* 菌株。

*A. ferrooxidans* 生长于普通 9K 培养基中, 30℃, 170 r/min 摇床无菌培养<sup>[7]</sup>。9K 含铜培养基为在普通 9K 的基础上加入 Cu<sup>2+</sup>离子终浓度为 10 g/L 的经过滤灭菌 Cu<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>。

*Leptospirillum ferrooxidans*, *Acidobacterium capsulatum* 按照 ATCC 菌种保藏中心官方网站 (<http://www.atcc.org>)的要求分别于 ATCC medium 2039 培养基, 30℃ 和 ATCC medium1995 培养基, 45℃ 无菌培养。

1.2 材料

基因组提取试剂盒使用 BioBasic Inc.的 EZ-10 spin column genomic DNA isolation kit。TRIZOL 试剂购自 Invitrogen。RNeasy<sup>®</sup> mini kit 和 RNase-free DNase set 购自 QIAGEN。Superscript<sup>™</sup> III RNaseH- reverse transcriptase 和 random hexamers 购自 Invitrogen。Taq DNA polymerase 购自 TOYOBO CO.LTD.。所有其他试剂都为分析纯及以上产品。

本实验所用引物见表 1, 均以 TIGR 网站上的 *A. ferrooxidans* ATCC23270 全基因组序列为模板序列 (<http://www.tigr.org>) (CMR Version Number: Version 18.0)设计而成, 引物合成由上海生工完成。

表 1 本实验所用到的引物 Table 1 Primers in present study		
序号 Numbers	引物 Primers	序列 Sequences (5'→3')
①	0328-0329F	TCCAAGGCAGCAGTAGAAGCAAG
②	0328-0329R	ATGAGCGGTACCCATCCCATGTT
③	0329-0330F	CAAGCTCCTCCAGAGGGTTCG
④	0329-0330R	CTCAAATGGTACTTTCACTACGCACA
⑤	0330-0331F	CAGGCAAATCTGAATGCGTGAC
⑥	0330-0331R	TTAGGCCATCGGAAGTGGTGA
⑦	0331-0332F	TCTTGATAGCCACAGTCAG
⑧	0331-0332R	GGAACCAGGATTACCCACAAT

1.3 DNA 的提取、PCR 和 RNA 的提取

细菌基因组 DNA 使用 EZ-10 spin column genomic DNA isolation kit, 按操作说明书提取。

以 0329-0330F 和 0330-0331R(见表 1)为引物,

各细菌基因组 DNA 为模板, 用 Taq DNA polymerase 做 PCR 扩增以确定 *Afe0329* 转录子是否广泛存在其他菌株中。反应体系为: 10×dNTPs (2 mmol/L each) 5 μL, 10×PCR buffer 5 μL, 模板 DNA (0.1 μg/μL) 2 μL, Taq DNA polymerase 1 μL, primers (10 pmol each), 补 H<sub>2</sub>O 至 50 μL。PCR 扩增的条件为: 94°C 变性 5 min; 94°C 变性 40 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 20 s (共 32 个循环); 72°C 延伸 7 min。PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。PCR 产物均经测序检验为预期的扩增片段。

细菌总 RNA 使用 RNeasy<sup>®</sup> mini kit 和 RNase-free DNase set, 按操作说明书提取。

#### 1.4 Reverse transcriptase PCR

Reverse transcriptase PCR 是用来鉴定 *Afe0329* 的共转录的。

以 random hexamers 为引物, 在 9K 含铜培养基中生长至对数中期的 *A. ferrooxidans* ATCC23270 菌株收集的总 RNA 为模板, 用 Superscript III RNase H-reverse transcriptase 按操作说明书合成 cDNA。

以合成的 cDNA 为模板, 用不同的引物 (如表 1) 做 PCR。PCR 扩增的程序为: 94°C 解链 5 min; 94°C 解链 40 s, 引物特异退火温度退火 30 s, 72°C 延伸 (45 个或 60 个循环); 72°C 延伸 7 min。PCR 产物琼脂糖凝胶电泳检测。并经测序检验为预期的扩增片段。

每一个 reverse transcriptase PCR 做 3 个对照: 一个加基因组 DNA 为模板的阳性对照 (如图 1 Lane1); 一个加未经过反转录的 RNA 为模板以检验 RNA 样品中是否有 DNA 污染的阴性对照 (如图 1 Lane3); 一个不加任何模板以检验是否有污染的阴性对照 (如图 1 Lane4)。

#### 1.5 生物信息学分析

Vector NTI (version 7.1) 用来做一般的序列操作。clusterX 用来做序列比对。用 Blast (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>) 做相似性搜索。用 PSORTb v.2.0 (<http://www.psорт.org>) 做蛋白质的亚细胞定位。TMHMM Server v.2.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM-2.0>) 用来做跨膜分析。使用 Primer Premier 5 软件设计引物。

## 2 结果

### 2.1 *Afe0329*、*Afe0330* 和 *Afe0331* 在同一个转录子中

为了测定基因 *Afe0329* 的转录情况, 我们使用了 reverse transcriptase PCR。用随机引物 random hexamers 将在 9K 含铜培养基中生长至对数生长中期的 *A. ferrooxidans* ATCC23270 提取的总 RNA 反转录成 cDNA, 以此 cDNA 为模板, 设计不同的引物做 PCR 扩增。

TIGR 数据库中基因 *Afe0329* 在 *A. ferrooxidans* 基因组序列中的分布情况及 PCR 扩增结果如图 1 所示, 图上半部分为 TIGR 数据库中 *Afe0329* 在 *A. ferrooxidans* ATCC23270 基因组序列中的分布情况。可看出 *Afe0329*、*Afe0330*、*Afe0331* 的有义链在同一条链上, 基因有相同的转录方向。

由图可知, 所有的阳性对照 Lane1 都出现了预期大小的扩增条带, 所有的阴性对照 Lane3 和 Lane4 都未出现扩增产物。B 中 Lane2 出现扩增条带, 说明基因 *Afe0329* 和 *Afe0330* (登录号为 AFE\_0330) 一起转录; C 中 Lane2 出现扩增条带, 说明 *Afe0330*、*Afe0331* (登录号为 AFE\_0331) 一起转录; E 中 Lane2 出现扩增条带, 进一步说明了 *Afe0329*、*Afe0330* 和 *Afe0331* 处于同一个转录子中。其他 Lane2 甚至在 PCR 60 个循环后都没有出现扩增条带, 说明没有其他基因一起转录。

### 2.2 *Afe0329* 转录元件广泛分布在 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中

为了测定 *Afe0329* 转录元件是否广泛存在于 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中, 我们使用引物 ③ 0329-0330F 和 ⑥ 0330-0331R (见表 1) (在基因组上的结合位点见图 1), 分别以 *A. ferrooxidans* ATCC23270, *A. ferrooxidans* F1, *A. ferrooxidans* F3, *A. ferrooxidans* F15, *A. ferrooxidans* F16, *Leptospirillum ferrooxidans* ATCC53992, *Acidobacterium capsulatum* ATCC51757 的基因组 DNA 为模板做 PCR, PCR 产物 2% 琼脂糖凝胶电泳。结果如图 2 所示, 在以 5 株来自不同地域的 *A. ferrooxidans* DNA 为模板的 PCR 产物中都出现了预期大小的扩增条带, 而 *Leptospirillum ferrooxidans* ATCC53992, *Acidobacterium capsulatum* ATCC51757 没有条带。说明 *Afe0329* 转录元件广泛存在于 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中。

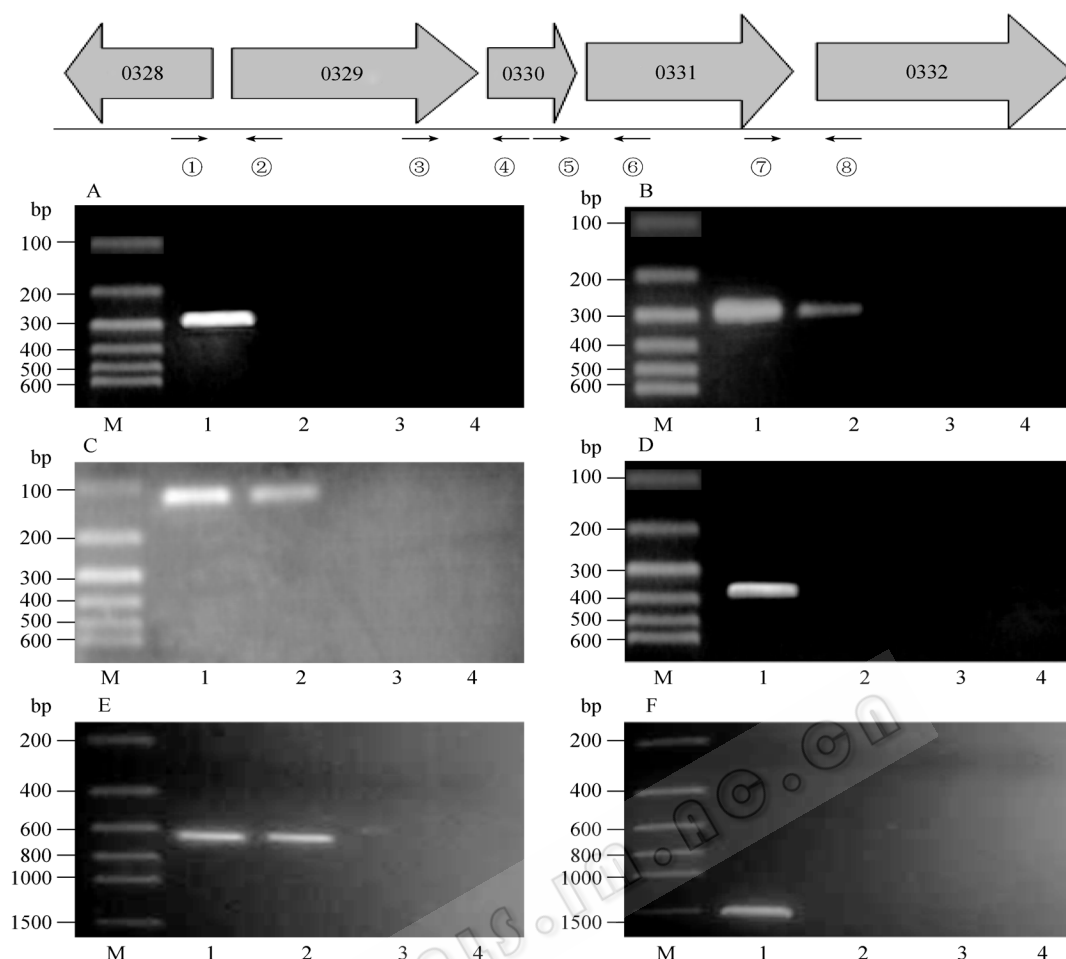


图1 基因 *Afe0329* 在基因组中的位置及 reverse transcriptase PCR 产物电泳图  
Fig. 1 Region review of *Afe0329* in the genome of *Acidithiobacillus ferrooxidans* and electrophoresis analysis of products of reverse transcriptase PCR

注：①-⑧显示出各引物(如表1)在基因组中的结合位点。A-F为使用以下引物的PCR产物电泳图。A：①②(产物290 bp, 60个循环, 2.5%琼脂糖凝胶); B：③④(产物287 bp, 60个循环, 2.5%琼脂糖凝胶); C：⑤⑥(产物118 bp, 45个循环, 3%琼脂糖凝胶); D：⑦⑧(产物387 bp, 60个循环, 2.5%琼脂糖凝胶); E：③⑥(产物613 bp, 45个循环, 2%琼脂糖凝胶); F：③⑧(产物1487 bp, 60个循环, 1%琼脂糖凝胶); M：东盛DNA Marker; 1：以DNA为模板的阳性对照; 2：以cDNA为模板的样品; 3：以RNA为模板的阴性对照; 4：不加模板的阴性对照

Note: ①-⑧ show the binding site of each primer (Table 1). A-F are electrophoretic patterns of PCR products using following primer pairs. A: ①② (product 290 bp, 60 cycle, 2.5% agarose gel); B: ③④ (product 287 bp, 60 cycle, 2.5% agarose gel); C: ⑤⑥ (product 118 bp, 45 cycle, 3% agarose gel); D: ⑦⑧ (product 387 bp, 60 cycle, 2.5% agarose gel); E: ③⑥ (product 613 bp, 45 cycle, 2% agarose gel); F: ③⑧ (product 1487 bp, 60 cycle, 1% agarose gel); M: Dongsheng DNA Marker; 1: Positive control using DNA as plate; 2: Sample using cDNA as plate; 3: Negative control using RNA as plate; 4: Negative control having no plate

### 2.3 转录子的生物信息学分析

TIGR 数据库中的注释信息显示, *Afe0329* 为编码 P 型 ATP 酶的铜代谢基因, *Afe0330* 和 *Afe0331* 都是功能未知的基因。在这里, 我们使用 reverse transcriptase PCR 发现这 3 个基因处于同一个转录子, 因此 *Afe0330* 和 *Afe0331* 可能也与铜代谢有关。

使用 clusterX 和 TMHMM Server 等进一步发现, *Afe0329* 为编码 P1b3 型 ATP 酶。如图 3 所示, H1-10 为跨膜螺旋, 其中 H6-H8 被认为是参与决定此蛋白

转运哪种重金属。TGES: phosphatase domain, DKTGT: aspartyl kinase domain, GDGxNDxP: ATP-binding domain, HP: histidine-proline dipeptide, CPH: cysteine-proline-histidine sequence, P1b 型 ATP 酶特征序列, His-rich: 多 histidine 区域, 其被认为是重金属结合区域。所有这些特征序列都是 P1b3 型 ATP 酶典型的特征序列, 这说明 AFE0329 是一种 P1b3 型 ATP 酶, 其被认为是转运  $\text{Cu}^{2+}$ 、 $\text{Cu}^{+}$  或者  $\text{Ag}^{+}$  的离子泵<sup>[8]</sup>。

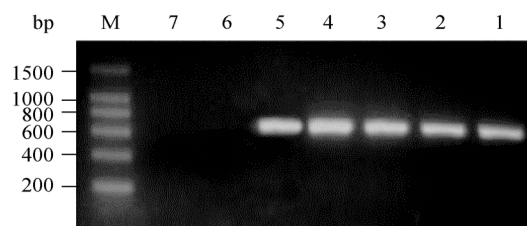


图2 *Afe0329* 转录子普遍性的鉴定(2%琼脂糖凝胶)

Fig. 2 Identification the universality of *Afe0329* transcripton (2% agarose gel)

注：引物为③ 0329-0330F, ⑥ 0330-0331R(结合位点见图1 ③⑥)

Note: Primer pair was ③ 0329-0330F and ⑥ 0330-0331R (the binding sites in Fig.1 were ③⑥).

M: Dongsheng DNA Marker; 1: *A. ferrooxidans* ATCC23270; 2: *A. ferrooxidans* F1; 3: *A. ferrooxidans* F3; 4: *A. ferrooxidans* F15; 5: *A. ferrooxidans* F16; 6: *Leptospirillum ferrooxidans* ATCC53992; 7: *Acidobacterium capsulatum* ATCC51757

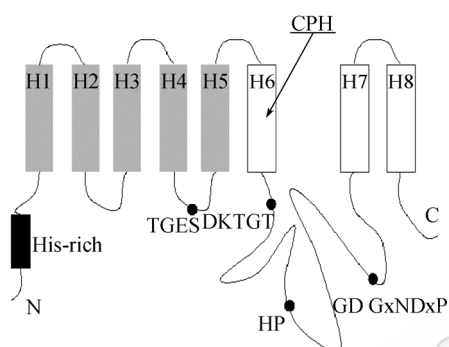


图3 AFE0329 蛋白示意图

Fig. 3 Schematic picture of protein AFE0329

用 PSORTb 发现 AFE0330 蛋白为定位在细胞质中的蛋白, 而 AFE0331 蛋白用 PSORTb 没有分析出有意义的定位结果。Blast 分析也没有搜索出这两个基因有意义的同源序列。所以, 基因 *Afe0330* 和 *Afe0331* 在铜代谢中的具体作用还有待进一步研究。

### 3 讨论

P1b 型 ATP 酶(以前被称作 CPx 型 ATP 酶)被认为是一种跨膜的重金属离子泵。位于第 6 次跨膜的 CPx 序列是其特征序列。它能转运  $\text{Zn}^{2+}$ 、 $\text{Pb}^{2+}$ 、 $\text{Co}^{2+}$ 、 $\text{Cu}^{2+}$ 、 $\text{Ag}^{+}$ 、 $\text{Cu}^{+}$ 、 $\text{Cd}^{2+}$  等多种重金属离子<sup>[9]</sup>, 是在细胞的重金属代谢中一种典型的, 普遍存在于很多生物中的蛋白质<sup>[10]</sup>。Arguello JM 通过对许多 P 型 ATP 酶的序列对比, 根据其特征将其分成五个亚族<sup>[8]</sup>。其中第 3 个亚族 P1b3 型 ATP 酶被认为是转运  $\text{Cu}^{2+}$ 、 $\text{Cu}^{+}$ 、 $\text{Ag}^{+}$  的。在此文章中, 根据序列分析, 基因

*Afe0329* 具有所有 P1b3 型 ATP 酶的序列特征(如图 3), 是一种典型的 P1b3 型 ATP 酶, 本实验室利用实时 PCR 和将其导 P 型 ATP 酶敲除的大肠杆菌可增强大肠杆菌铜抗性等实验, 也说明了此基因在 *A. ferrooxidans* 铜代谢中的重要作用<sup>[6]</sup>。

原核生物中, 功能相同的基因往往位于基因组的相邻位置, 成簇出现, 甚至一同转录。如乳糖操纵子<sup>[11]</sup>和色氨酸操纵子<sup>[12]</sup>都是研究的比较清楚的操纵子。所以, 我们用 reverse transcriptase PCR 对 *Afe0329* 的共转录情况进行了研究, 发现 *Afe0329*、*Afe0330*、*Afe0331* 位于同一个转录子中。在 TIGR 数据库中的注释信息显示 *Afe0330* 和 *Afe0331* 是功能未知的基因(<http://www.tigr.org>)。所以共转录的实验结果说明了基因 *Afe0330* 和 *Afe0331* 也可能参与了 *A. ferrooxidans* 的铜代谢。但是, 利用 Blast 分析没有得到有生物学意义的同源性序列。

实际上, 在研究的比较清楚的 *Enterococcus hirae* 菌中的转运铜的 P 型 ATP 酶也与其他几个基因构成 *cop* 操纵子, 其中, *copA* 和 *copB* 是编码铜离子泵的 P 型 ATP 酶基因, 而 *copZ* 和 *copY* 是调控基因<sup>[13,14]</sup>。而 *Afe0330*、*Afe0331* 与 *copY*、*copZ* 的序列分析显示也没有相关性。所以, *A. ferrooxidans* 中 *Afe0329* 转录子是不同于 *Enterococcus hirae* 菌 *cop* 操纵子的。其基因 *Afe0330* 和 *Afe0331* 在铜代谢中的具体作用还有待进一步研究。

本文中的结果显示, *Afe0329*、*Afe0330*、*Afe0331* 转录子结构是普遍存在于 *A. ferrooxidans* 菌株基因组中的。此研究通过 reverse transcriptase PCR 的方式, 鉴定出普遍存在于 *A. ferrooxidans* 菌株中的基因 *Afe0330* 和 *Afe0331* 功能的铜代谢相关性, 为进一步研究这种生长在极端环境下的, 在工业生产中有重要应用的细菌的铜代谢机理打下了基础。

### 参考文献

- [1] Weiss KH, Merle U, Schaefer M, et al. Copper toxicosis gene MURR1 is not changed in Wilson disease patients with normal blood ceruloplasmin levels. *World J Gastroenterol*, 2006, 12: 2239–2242.
- [2] Rutherford JC, Bird AJ. Metal-responsive transcription factors that regulate iron, zinc, and copper homeostasis in eukaryotic cells. *Eukaryot Cell*, 2004, 3: 1–13.
- [3] Rohwerder T, Gehrke T, Kinzler K, et al. Bioleaching review part A: progress in bioleaching: fundamentals and mechanisms of bacterial metal sulfide oxidation. *Appl*

- Microbiol Biotechnol*, 2003, **63**: 239–248.
- [4] Alvarez S, Jerez CA. Copper ions stimulate polyphosphate degradation and phosphate efflux in *Acidithiobacillus ferrooxidans*. *Appl Environ Microbiol*, 2004, **70**: 5177–5182.
- [5] Chisholm IA, Leduc LG, Ferroni GD. Metal resistance and plasmid DNA in *Thiobacillus ferrooxidans*. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 1998, **73**: 245–254.
- [6] Luo YJ, Liu YD, Zhang CG, *et al.* Insights into two high homogenous genes involved in copper homeostasis in *Acidithiobacillus ferrooxidans*. *Curr Microbio*, Accepted at 4.17.2008.
- [7] Silverman MP, Lundgren DG. Studies on the chemoautotrophic iron bacterium *Ferrobacillus ferrooxidans*. I. An improved medium and a harvesting procedure for securing high cell yields. *J Bacteriol*, 1959, **77**: 642–647.
- [8] Arguello JM. Identification of ion-selectivity determinants in heavy-metal transport P1B-type ATPases. *J Membr Biol*, 2003, **195**: 93–108.
- [9] Solioz M, Vulpe C. CPx-type ATPases: a class of P-type ATPases that pump heavy metals. *Trends Biochem Sci*, 1996, **21**: 237–241.
- [10] Silver S, Phung LT. Bacterial heavy metal resistance: new surprises. *Annu Rev Microbiol*, 1996, **50**: 753–789.
- [11] Kuhlman T, Zhang Z, Saier MH Jr, *et al.* Combinatorial transcriptional control of the lactose operon of *Escherichia coli*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2007, **104**: 6043–6048.
- [12] Santillan M, Zeron ES. Analytical study of the multiplicity of regulatory mechanisms in the tryptophan operon. *Bull Math Biol*, 2006, **68**: 343–359.
- [13] Solioz M, Stoyanov JV. Copper homeostasis in *Enterococcus hirae*. *FEMS Microbiol Rev*, 2003, **27**: 183–195.
- [14] Pecou E, Maass A, Remenik D, *et al.* A mathematical model for copper homeostasis in *Enterococcus hirae*. *Math Biosci*, 2006, **203**: 222–239.

稿件书写规范

## 高等院校教学栏目简介及撰稿要求

“高等院校教学”是中国微生物学会主办的科技期刊中唯一的教学类栏目,也是中国自然科学核心期刊中为数不多的教学栏目。该栏目专为高等院校教师开辟,是生物学教学研究、交流、提高的园地。

本栏目的文章有别于其他实验类研究报告,特色非常鲜明。要求作者来自教学第一线,撰写的稿件内容必须要有新意、要实用,不是泛泛地叙述教学设计与过程,而是确实有感而发,是教学工作中的创新体会,或者在教学中碰到的值得商榷的、可以与同行讨论的有价值的论题。在内容选材上应该有鲜明的特点和针对性,做到主题明确、重点突出、层次分明、语言流畅。教师的教学思路应与时俱进,注意将国内外新的科技成果和教学理念贯穿到教学之中,只有这样才能真正起到教与学的互动,促进高校生物学教学的发展,更多更好地培养出国家需要的高科技创新人才。这也是本栏目的目的所在。

同时,为了给全国生物学领域的教学工作者提供一个更广阔更高层次的交流平台,本栏目还开辟了“名师讲堂”版块。旨在通过推广名家的教学经验,帮助青年教师尽快成长,进一步提高教学质量。欢迎获得国家级“名师奖”或教育部“精品课程”等奖项的专家教授们积极撰稿,将你们在教学领域获得的经验和成功体会通过这个栏目展示出来。对于入选“名师讲堂”版块的文章,本刊将开辟快速审稿通道,优先发表,并免收审理费和版面费,支付优厚的稿酬。刊发时还将在正文前附作者简介和大幅彩照,以鼓励和褒奖教学名家不吝赐稿,让所有的读者分享他们的经验和心得。

欢迎投稿! 欢迎对本栏目多提宝贵意见!