

玻尔科学导航用户手册：新一代科研知识库与 AI 学术搜索平台

由深势科技联合北京科学智能研究院打造的**新一代科研知识库与 AI 学术搜索平台——Science Navigator（科学导航）**正式为**上海电机学院**开通试用，作为全球首个覆盖“读文献-做计算-做实验-多学科协同”的 AI 科研平台，从精准查找文献、快速解析论文，到一键生成综述，玻尔致力于解决科研各阶段的卡点，帮助科研人员少走弯路、聚焦研究核心。

访问入口

1. 网页端：校园网范围内，扫描下方二维码，即可登录上海电机学院版专属玻尔（<https://sdju.bohrium.com>），平台自动识别机构身份，绑定后即可自动领取机构版权益；



2. 手机端：支持使用手机浏览器在校园网覆盖范围内登录专属域名进行使用。

配套使用教程

《AI 科研素养基础：科学导航使用教程》：

<https://sdju.bohrium.com/courses/4956824988>

【新对话】：AI 学术搜索，解决科学问题

1.1 切换模型版本

- 用户可以切换不同提问模型版本，适应不同科研场景需求
 - 快速版：快速提供学术答案，适合日常查询，帮助用户迅速获取文献中的关键信息；
 - 专业版：提供更精确的学术回答，适合需要深入背景和精细分析的科研问题；
 - AI 小导师模式：提供“精准、权威、专业”的全新文献搜索问答体验



1.2 切换提问数据库、知识库来源

- 支持按照学科分类、期刊库（国际/中文/科协）切换数据库来源



梳理关键参考文献

+ 快速 国际期刊

写一篇综述

文献筛选

学科分类

全部 自然科学 工程技术 生命科学 哲学与社会科学

期刊库

国际期刊 1.7亿篇文献
中国期刊 0.8亿篇文献
科协期刊集群 60万篇全文文献

1.3 基于单篇或多篇文献的问答

- 用户可以使用自然语言提问，获取真实可溯源的文献来源

200 每日签到领光子

Bh 你的 AI 文献助手

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

+ 专业 国际期刊

写一篇综述 画张流程图 做一份深入调研 更多

综述写作 不止于初稿
从文献检索到引用复核，拆解为可确认、可追溯的完整流程

发现更多科研内容

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

参考 80 篇资料回答

评估蛋白质亚细胞定位预测中解释性规则的可靠性，是一个跨越生物信息学、机器学习可解释性 (XAI) 以及统计验证的复杂科学问题。随着深度学习在蛋白质组学中的广泛应用，模型的“黑箱”性质使得理解其决策逻辑变得至关重要。可靠的解释性规则不仅需要具备高保真度 (Faithfulness)，即准确反映模型内部的决策机制，还需要具备生物学合理性 (Plausibility)，即与已知的生物化学原理和实验证据相一致 [1] [2]。评估这一可靠性需要从算法层面的技术指标和生物学层面的实证验证两个维度进行综合考量。

解释性规则的技术保真度评估

在技术层面，评估解释性规则可靠性的核心在于量化解释与模型行为之间的一致性。保真度 (Faithfulness) 是衡量解释方法是否真实反映模型内部推理过程的关键指标 [3]。对于基于规则的解释方法，如YLoc所采用的贝叶斯网络或ProtLoc-Mex1中的随机森林特征重要性分析，评估者可以通过扰动输入特征来测试解释的稳定性 [4] [5]。具体而言，如果解释指出某个氨基酸序列片段或基因本体 (GO) 注释是预测特定定位的关键因素，那么移除或突变该特征应当导致预测概率显著下降 [6]。这种“删除-重建”策略能够直接验证解释性规则对模型输出的因果影响力。

此外，解释的不变性 (Invariance) 和等价性 (Equivariance) 也是重要的评估维度。在蛋白质定位预测中，如果输入序列发生不影响定位功能的微小变化 (如同义突变或非关键区域的插入)，解释性规则应当保持相对稳定 [6]。此外，解释应当提供可验证的生物学洞见，通过对比模型输出的解释与已知生物学知识，系统性地评估其合理性。

询问任何科学问题

学术搜索

内容由AI生成，请仔细甄别

参考文献 全部搜索结果

17 个来源

- Rigorous Interpretation Is a Form of Evaluation**
严格解释是一种评估形式
Isabelle Lee, Emily Liu
2026.05.06 arXiv-Computers and ...
- Explainable ai: A review of machine learning interpretability methods**
可解释人工智能: 机器学习可解释性方法综述
P Linardatos, V Papastefanopoulos
2020.01.01
- A Comparative Study of Faithfulness Metrics for Model Interpretability Methods**
模型可解释性方法的忠实度指标比较研究
Chun Sik Chan, Huanqi Kong
2022.04.12 arXiv-Computation an...
- Going from where to why—interpretable prediction of protein subcellular localization**
从定位到功能——蛋白质亚细胞定位的可解释预测
Sebastian Brieseman, Jörg Rahnenführer
2010.03.17 Bioinformatics (IS 5.4)
- ProtLoc-Mex1: Interpretable Analysis of Amino Acids Sequence Chemical Feature and GO Annotations for**

多篇文章对话 加入到知识库

- 问答末尾自动推荐高相关问题，用户可以基于回复展开多轮问答

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

此外，基于网络的预测方法 (如利用蛋白质-蛋白质相互作用网络) 提供的解释性规则，需要评估其在网络拓扑结构变化下的鲁棒性 [15]。如果解释依赖于某个特定的相互作用伙伴，那么该伙伴的实验不确定性应当被纳入可靠性评估中。通过引入置信度评分 (如LocTree3输出的可靠性分数)，可以为每个预测及其解释提供一个量化的可信度区间 [16]。

综合评估框架的构建

综上所述，评估蛋白质定位预测中解释性规则的可靠性需要一个多层次的综合框架。首先，通过技术指标 (如保真度、稳定性、不变性) 确保解释在算法层面的正确性 [7] [6]。其次，通过领域专家的知识审查和文献比对，验证解释的生物学合理性 [4] [5]。最后，通过独立的实验验证和跨数据集的鲁棒性测试，确认解释的普适性和真实性 [11] [12]。这种从“黑箱”到“白盒”，再到“实验验证”的闭环评估体系，是将人工智能预测转化为可靠生物学发现的关键路径 [1] [10]。未来的研究方向应致力于开发自动化的评估流水线，将计算验证与实验设计紧密结合，从而加速对蛋白质功能及其定位机制的理解 [17]。

评分

如何量化解释规则对模型决策的忠实度? →

评估解释性规则鲁棒性的常用指标有哪些? →

怎样验证提取的规则是否符合生物学常识? →

如何测试解释规则在分布偏移下的稳定性? →

解释性规则的稀疏性与准确性如何平衡? →

询问任何科学问题

学术搜索

内容由AI生成，请仔细甄别

参考文献 全部搜索结果

17 个来源

- Rigorous Interpretation Is a Form of Evaluation**
严格解释是一种评估形式
Isabelle Lee, Emily Liu
2026.05.06 arXiv-Computers and ...
- Explainable ai: A review of machine learning interpretability methods**
可解释人工智能: 机器学习可解释性方法综述
P Linardatos, V Papastefanopoulos
2020.01.01
- A Comparative Study of Faithfulness Metrics for Model Interpretability Methods**
模型可解释性方法的忠实度指标比较研究
Chun Sik Chan, Huanqi Kong
2022.04.12 arXiv-Computation an...
- Going from where to why—interpretable prediction of protein subcellular localization**
从定位到功能——蛋白质亚细胞定位的可解释预测
Sebastian Brieseman, Jörg Rahnenführer
2010.03.17 Bioinformatics (IS 5.4)
- ProtLoc-Mex1: Interpretable Analysis of Amino Acids Sequence Chemical Feature and GO Annotations for**

多篇文章对话 加入到知识库

- 右侧为输出的参考文献，用户可加入个人知识库或在线批量问答

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

参考 80 篇资料回答

评估蛋白质亚细胞定位预测中解释性规则的可靠性，是一个跨越生物信息学、机器学习可解释性 (XAI) 以及统计验证的复杂科学问题。随着深度学习在蛋白质组学中的广泛应用，模型的“黑箱”性质使得理解其决策逻辑变得至关重要。可靠的解释性规则不仅需要具备高保真度 (Faithfulness)，即准确反映模型内部的决策机制，还需要具备生物学合理性 (Plausibility)，即与已知的生物化学原理和实验证据相一致。评估这一可靠性需要从算法层面的技术指标和生物学层面的实证验证两个维度进行综合考量。

解释性规则的技术保真度评估

在技术层面，评估解释性规则可靠性的核心在于量化解释与模型行为之间的一致性。保真度 (Faithfulness) 是衡量解释方法是否真实反映模型内部推理过程的关键指标。对于基于规则的解释方法，如 YLoc 所采用的贝叶斯网络或 ProtLoc-Mex1 中的随机森林特征重要性分析，评估者可以通过扰动输入特征来测试解释的稳定性。具体而言，如果解释指出某个氨基酸序列片段或基因本体 (GO) 注释是预测特定定位的关键因素，那么移除或突变该特征应当导致预测概率显著下降。这种“删除-重测”策略能够直接验证解释性规则对模型输出的因果影响力。

此外，解释的不变性 (Invariance) 和等价性 (Equivariance) 也是重要的评估维度。在蛋白质定位预测中，如果输入序列发生不影响定位功能的微小变化 (如同义突变或非关键区域的插入)，解释性规则应当保持相对稳定。

内容由 AI 生成，请仔细甄别

参考文献 全部搜索结果

- Rigorous Interpretation Is a Form of Evaluation**
严格解释是一种评估形式
Isabelle Lee, Emmy Liu
2026.05.06
- Explainable ai: A review of machine learning interpretability methods**
可解释人工智能：机器学习可解释性方法综述
P Linardatos, V Papastefanopo...
2020.01.01
- A Comparative Study of Faithfulness Metrics for Model Interpretability Methods**
模型可解释性方法的忠实度指标比较研究
Chun Sik Chan, Huanqi Kong
2022.04.12
- Going from where to why—interpretable prediction of protein subcellular localization**
从定位到功能—蛋白质亚细胞定位的可解释预测
Sebastian Briesen, Jörg Rahnenführer
2010.03.17
- ProtLoc-Mex1: Interpretable Analysis of Amino Acids Sequence Chemical Feature and GO Annotations for**

多篇文章对话 加入知识库

这些文献的主要发现和结论是什么?

这些文献的主要发现和结论如下:

文献 1: 《Rigorous Interpretation Is a Form of Evaluation》

该文献提出，可解释性 (Interpretability) 不仅仅是一种诊断工具，更可以作为一种超越表面性能指标的模型评估形式。为了实现其评估潜力，可解释性方法必须满足科学标准，即其主张必须是可证伪的、可重现的和可预测的。文章探讨了可解释性发挥评估作用的三种方式:

- 识别并修复问题:** 通过确定不良行为的根本原因来解决问题。
- 检测潜在缺陷:** 即使模型输出看起来正确，也能检测出导致模型输出无效的微妙故障机制。
- 预测潜在问题:** 通过充分理解模型的弱点，预测问题在发生之前可能出现的情况。

文献 2: 《Explainable ai: A review of machine learning interpretability methods》

这篇文献的摘要部分简要提及了像素空间可视化 (pixel-space visualizations) 用于创建高分辨率的类别判别可视化，以及在基于噪声的对抗性攻击中，通过添加扰动来改变原始样本。由于只提供了摘要片段，无法提供更详细的内容。

正在与 4 篇文章对话

上传文件，获取结构化解读并围绕章节继续提问

文献阅读

内容由 AI 生成，请仔细甄别

- 切换“全部搜索结果”，进行进一步参考:

如何评估解释性规则在蛋白质定位预测中的可靠性?

参考 80 篇资料回答

评估蛋白质亚细胞定位预测中解释性规则的可靠性，是一个跨越生物信息学、机器学习可解释性 (XAI) 以及统计验证的复杂科学问题。随着深度学习在蛋白质组学中的广泛应用，模型的“黑箱”性质使得理解其决策逻辑变得至关重要。可靠的解释性规则不仅需要具备高保真度 (Faithfulness)，即准确反映模型内部的决策机制，还需要具备生物合理性 (Plausibility)，即与已知的生物化学原理和实验证据相一致。评估这一可靠性需要从算法层面的技术指标和生物学层面的实证验证两个维度进行综合考量。

解释性规则的技术保真度评估

在技术层面，评估解释性规则可靠性的核心在于量化解释与模型行为之间的一致性。保真度 (Faithfulness) 是衡量解释方法是否真实反映模型内部推理过程的关键指标。对于基于规则的解释方法，如YLoc所采用的贝叶斯网络或ProtLoc-Mex1中的随机森林特征重要性分析，评估者可以通过扰动输入特征来测试解释的稳定性。具体而言，如果解释指出某个氨基酸序列片段或基因本体 (GO) 注释是预测特定定位的关键因素，那么移除或突变该特征应当导致预测概率显著下降。这种“删除-重建”策略能够直接验证解释性规则对模型输出的因果影响力。

此外，解释的不变性 (Invariance) 和等价性 (Equivariance) 也是重要的评估维度。在蛋白质定位预测中，如果输入序列发生不影响定位功能的微小变化 (如同义突变或非关键区域的插入)，解释性规则应当保持相对稳定。此外，AI解释还增加了高通量数据预测流程，通过生成数据模型多样化的输出结果，系统性地评估了模型解释...

询问任何科学问题

学术搜索

内容由AI生成，仅供参考

参考文献 全部搜索结果

80 个来源 相关性优先 筛选

PLPD: reliable protein localization prediction from imbalanced and overlapped datasets
PLPD: 从不平衡和重叠数据集进行可靠的蛋白质定位预测
KiYoung Lee, Dae-Won Kim
2006.09.11 | Nucleic Acids Research (IS 13.1)

Dealing with imbalanced data for interpretable defect prediction
处理不平衡数据以实现可解释的缺陷预测
Yuxiang Gao, Yi Zhu
2022.11.01 | Information and Software Engineering (IS 4.3)

Protein Subcellular Localization Prediction Using a Hybrid of Similarity Search and Error-Correcting Output Code Techniques That Produces Interpretable Results
使用相似性搜索和纠错输出码技术相结合的方法进行蛋白质亚细胞定位预测，该方法可产生可解释的结果
Doderer Mark, Yoon Kihoon
2006.01.01 | In Silico Biology

Going from where to why—interpretable prediction of protein subcellular localization
从定位到功能——蛋白质亚细胞定位的可解释预测
Sebastian Brisse, Jörg Rahnenführer
2010.03.17 | Bioinformatics (IS 5.4)

多篇文献对话 加入知识库

1.4 多模态解析能力

- 用户可上传文件、分子式等格式的文件，展开单点问答：

想比较哪些研究路线

为观点查找文献依据

国际期刊 学术搜索

上传文件 上传分子图片 选择知识库

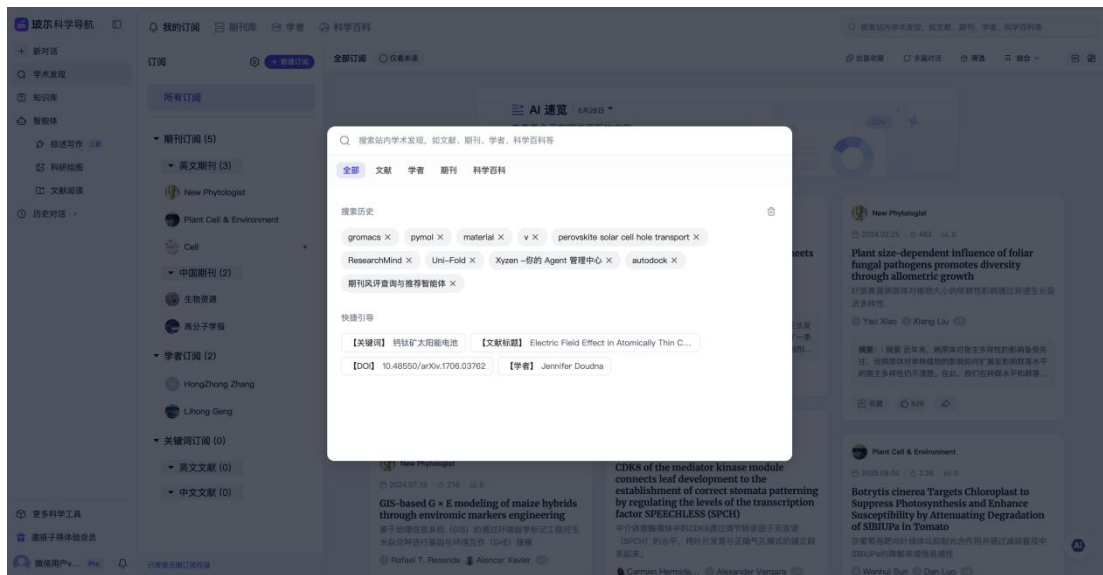
画张流程图 做一份深入调研 更多

综述写作 不止于初稿
从文献检索到引用复核，拆解为可确认、可追溯的完整流程

发现更多科研内容

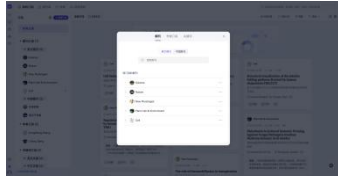
【学术发现】：站内资源一站式检索

- 一站检索站内论文、期刊、学者、用户等资源

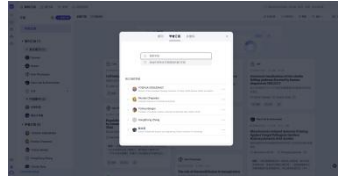


2.1 订阅：实时追踪前沿科研动态

- 订阅功能聚合多个学科最新动态，支持用户按照期刊、关键词、学者等维度订阅，实时更新
 - **关键词订阅**：例如“人工智能+医疗”“基因编辑”“新能源材料”等，每个关键词下整合论文、学者动态等多种内容；
 - **期刊订阅**：选择感兴趣的核心期刊或学科期刊，推送该期刊最新出版文章、特刊信息等；
 - **学者订阅**：关注特定学者或研究团队的最新发表、被引等动态。



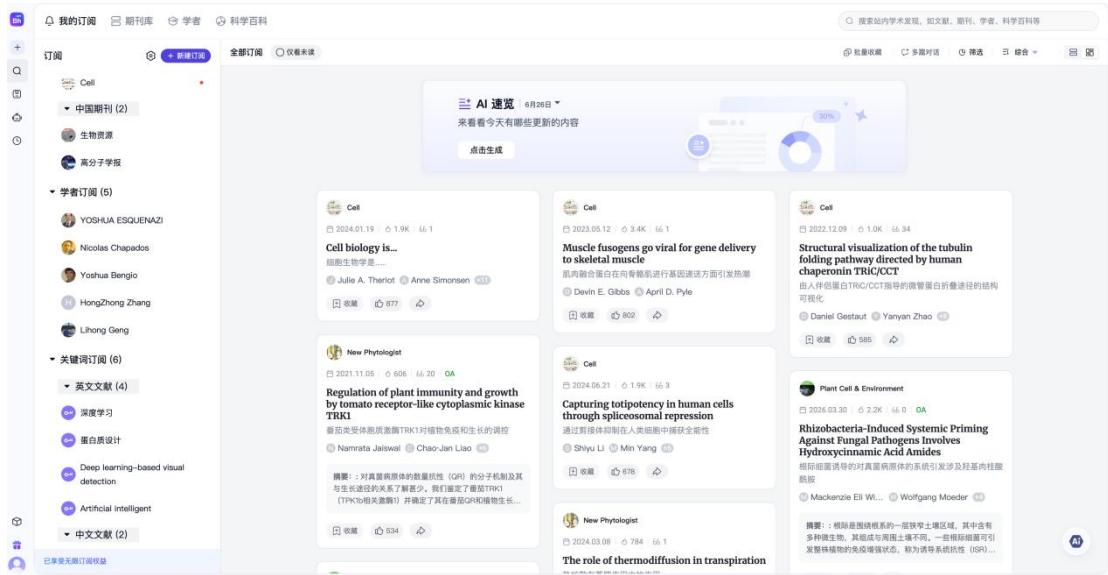
期刊订阅



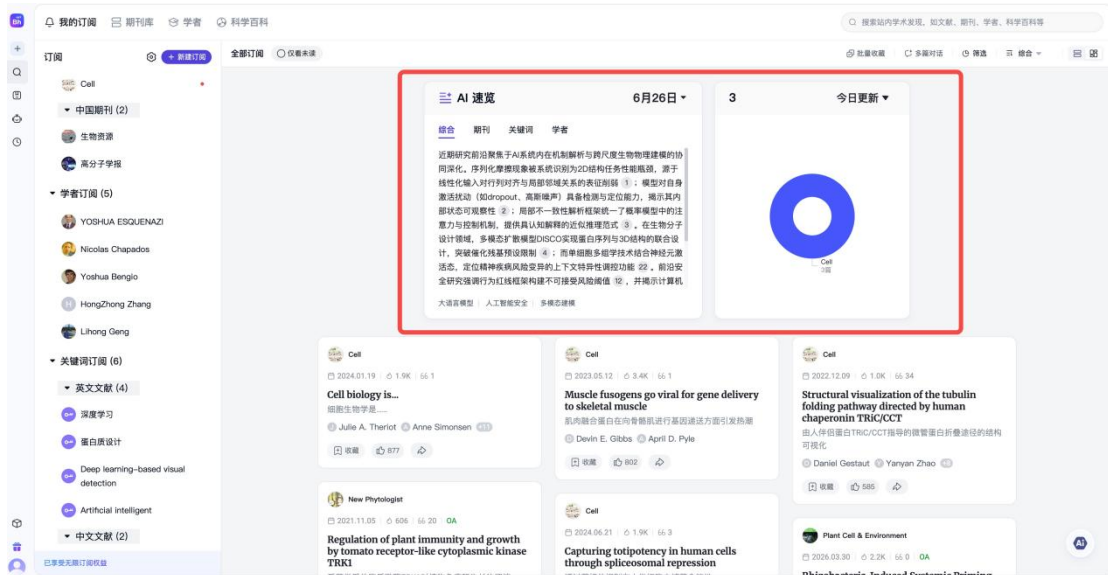
学者订阅



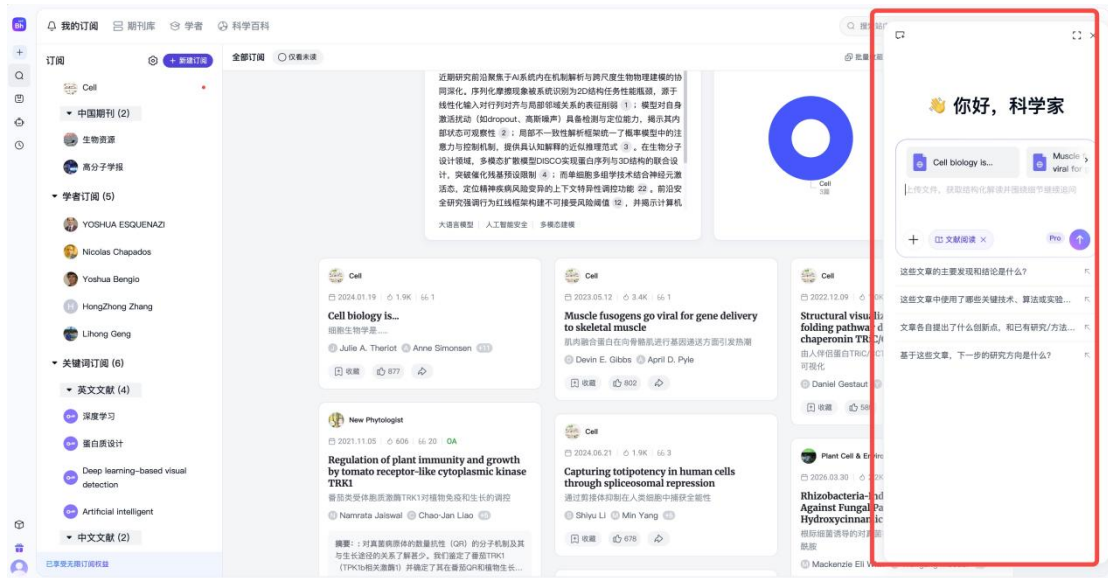
关键词订阅



- 按天为维度提供 **AI 速览**，帮助用户快速获取最新动态

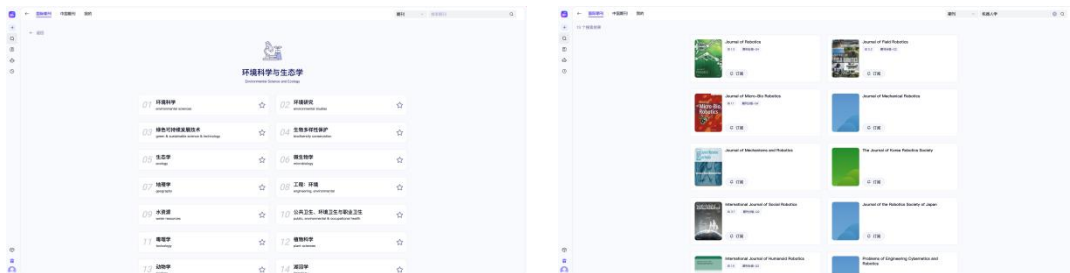


- 支持将订阅内容**批量加入知识库**或**展开批量对话**

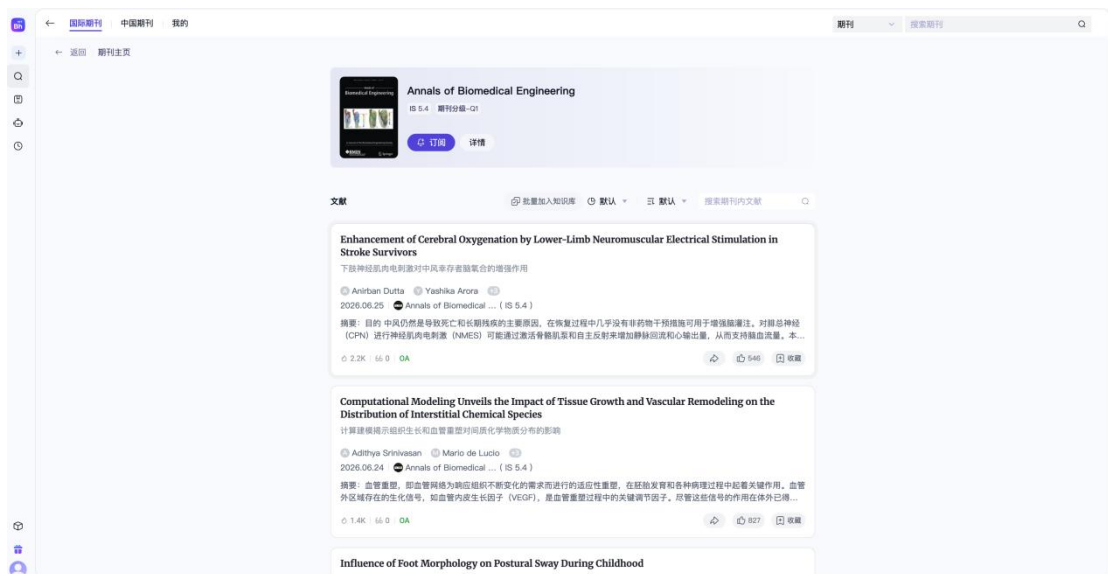


2.2 期刊库：理工农医文全学科覆盖

- 平台提供 **1.7 亿+英文文献** 及 **8000 万+中文文献**，支持基于期刊名、主题、CN 等关键词的检索，覆盖理、工、医、农、人文社科等多学科领域。

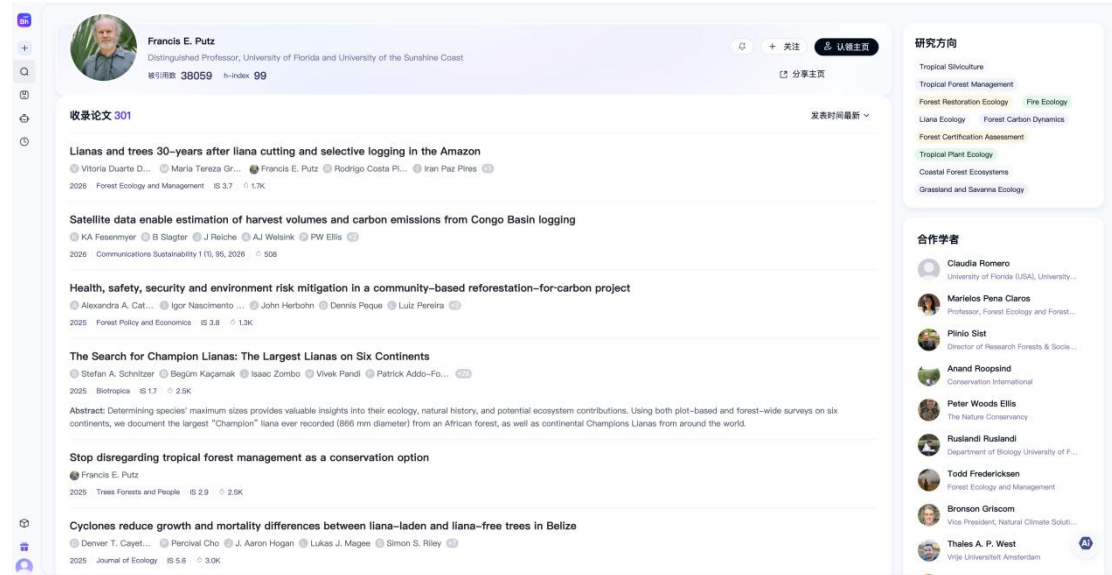


- 支持查看期刊详情、期刊订阅。

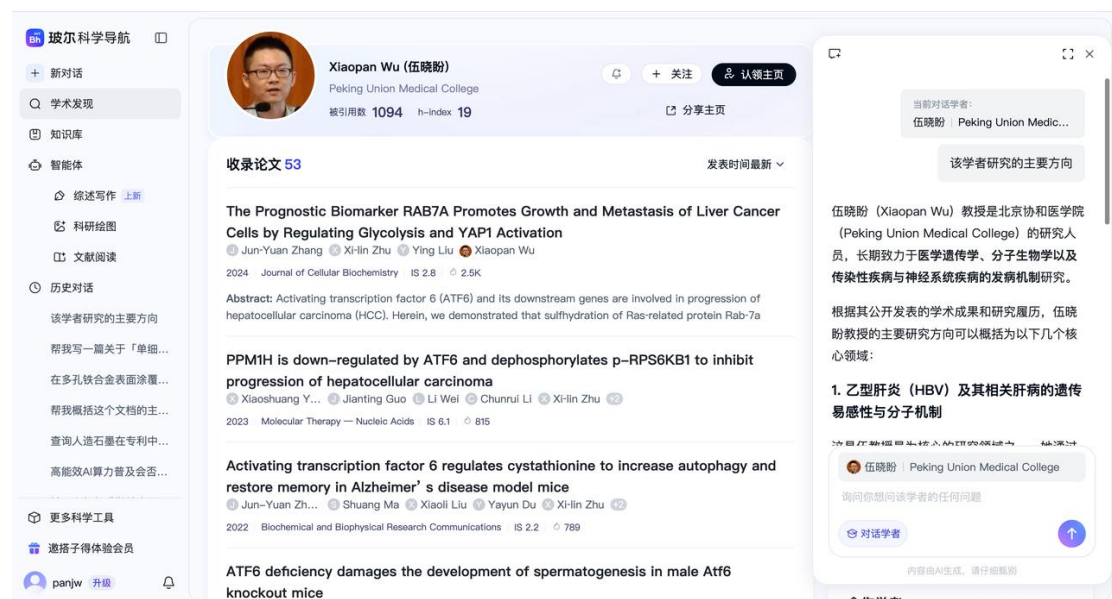


2.3 学者库：了解学者最新动态，和“Ta”的学术分身聊聊天

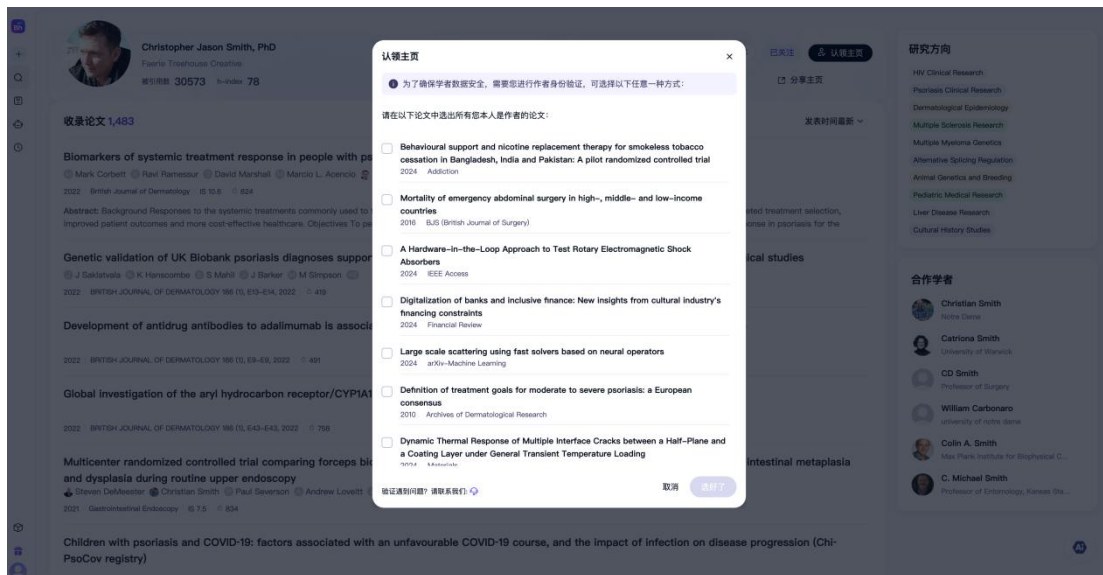
- 学者库收录超 **2,000w+**全球活跃学者，覆盖科研画像、研究方向、学术成果与合作网络，一站式了解“谁在研究什么”。



- 学者 AI 分身**：基于真实学者的经历和成果打造，支持对话交流，能回答专业问题、分享观点、拓展科研思路，是学者智慧的数字化延伸。



- 支持用户认领自己的学术主页，制作自己的专属“学术名片”。



2.4 科学百科：科研人员的新一代“智慧图书馆”

- 从知识点本身出发，拆解科学理论“元知识”，帮你将知识点连成一张可导航的知识网络，让复杂概念一学就懂。



- 覆盖 200+ 学科，提供 400w+QA 问答，帮你快速掌握知识点。



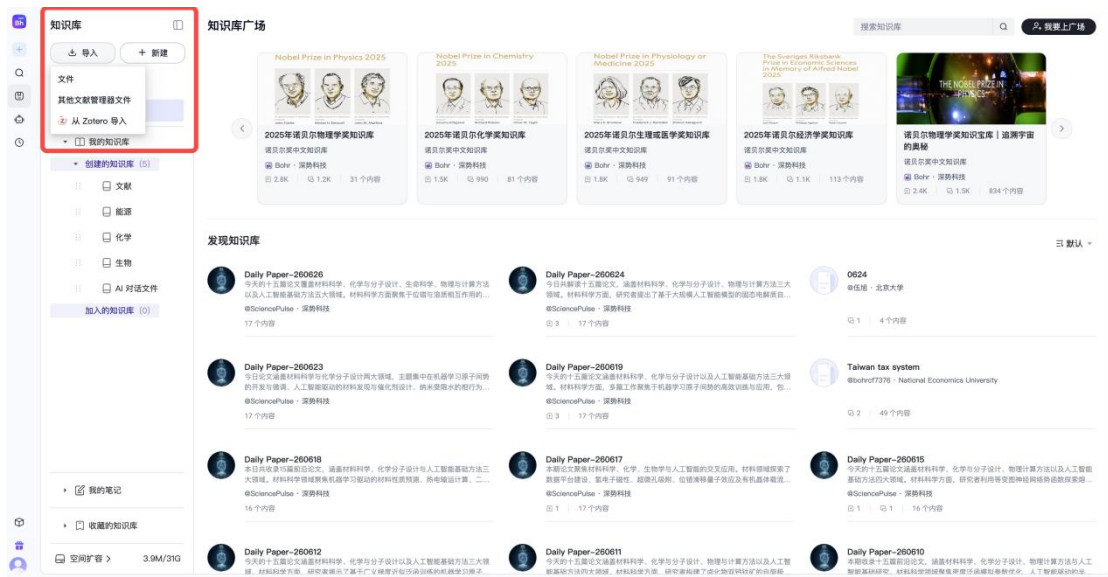
- 提供 AI 伴读功能，思维链式讲解知识点，内置 AI Agent 帮你智能规划学习路径。



【知识库】智能科研资产管理平台

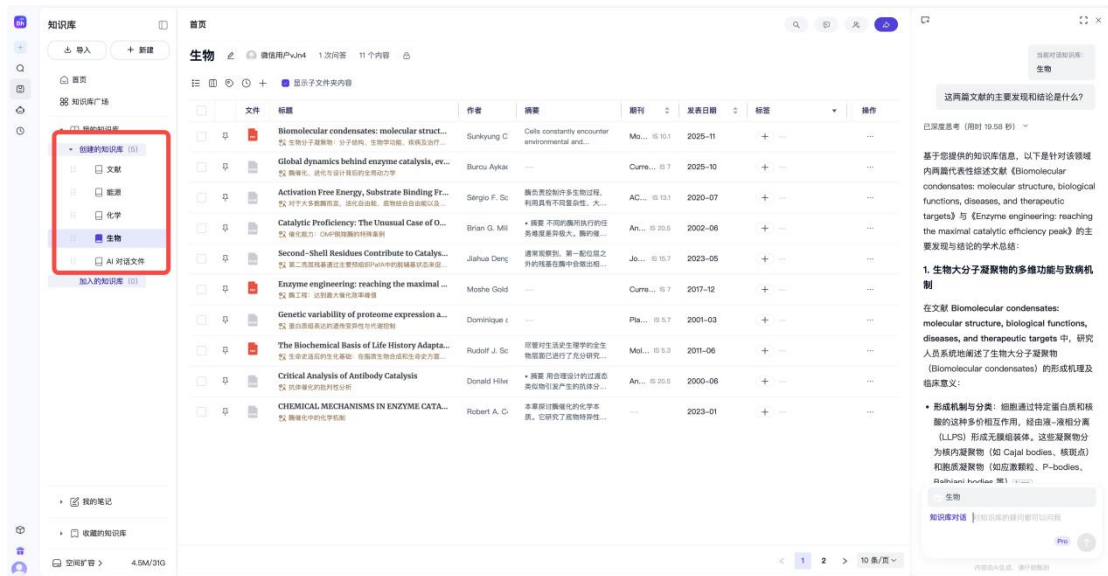
3.1 多模态融合的知识库

- 支持论文、笔记、AI 对话等多源数据内容存储，专属科研“网盘”。
- 支持本地导入或其他文献管理器导入资源。



3.2 高效管理科研资产

- 上传文件进行自动化标签，分类管理更便捷。



3.3 智能科研阅读器

- 可在线阅读 OA 文献 pdf，或获取文献官方源网址。

展开知识库导航 | 首页

生物 | 微信用户_vjH4 | 11个内容

显示子文件夹内容

文件	标题	作者	摘要	期刊	发布日期	标签	添加日期	操作
📄	Biomolecular condensates: molecular struct...	Sunkyung C.	Cells constantly encounter environmental and...	Mo...	10.11.2025-11	+	2026-(...
📄	Global dynamics behind enzyme catalysis, ev...	Burcu Aykar	—	Cur...	10.7.2025-10	+	2026-(...
📄	Activation Free Energy, Substrate Binding Fr...	Sérgio F. Sc	酶合酶控制许多生物过程, 利用具有不同活性... 大...	AC...	10.13.1.2020-07	+	2026-(...
📄	Catalytic Proficiency: The Unusual Case of O...	Brian G. Mill	• 摘要 不同的酶执行同样的任务, 其效率差异巨大。酶的效率...	An...	10.20.9.2002-06	+	2026-(...
📄	Second-Shell Residues Contribute to Cataly...	Jiahua Deng	通常观察到, 第一个位阻之外的残基在酶中做出贡献...	Jo...	10.16.7.2023-05	+	2026-(...
📄	Enzyme engineering: reaching the maximal ...	Moshe Gold	—	Cur...	10.7.2017-12	+	2026-(...
📄	Genetic variability of proteome expression a...	Dominique c	—	Pla...	10.5.7.2001-03	+	2026-(...
📄	The Biochemical Basis of Life History Adapta...	Rudolf J. Sc	尽管对生态学生理学的生态学基础已经进行了广泛研究...	Mol...	10.5.3.2011-06	+	2026-(...
📄	Critical Analysis of Antibody Catalysis	Donald Hilve	• 摘要 用合理设计的过渡态类似物引发的抗体催化...	An...	10.20.9.2000-06	+	2026-(...
📄	CHEMICAL MECHANISMS IN ENZYME CATA...	Robert A. C.	本章讨论酶催化的化学本质, 它研究了底物特异性...	—	2023-01	+	2026-(...

2011.06.24 | 570

DOI | 官方地址

Molecular Biology and... | IS 5.3 | 期刊分级 Q1

The Biochemical Basis of Life History Adaptation: Molecular and Enzymological Causes of NADP+–Isocitrate Dehydrogenase Activity Differences Between Morphs of Gryllus firmus That Differ in Lipid Biosynthesis and Life History

生命适应的生化基础: 在酶促生物合成和生命史方面存在差异的瘦蝇 *Gryllus firmus* 不同形态之间 NADP+–异柠檬酸脱氢酶活性差异的分子和酶学原因

Rudolf J. Schilder | Anthony J. Zera

Christine Black | Mallory Hoidal

展开

已收藏 | 66 引用 | 点赞

关键词 | 研究分类

- 针对 OA 文献，支持在线阅读 pdf，内置 AI 问答、智能翻译、笔记标注等功能。侧边栏提供实时互动支持，帮助科研人员高效阅读、理解和管理学术内容，提升科研效率。

Quantification of *G. firmus* Fat Body NADP+–IDH Enzyme Protein Concentration in Crude Fat Body Homogenate from LWI and SWI *G. firmus* was quantified using coxlet immunoelectrotransfer (IRE) employing

384

Causes of NADP+–IDH Activity Variation in Gryllus... | MBE

Most or silver staining (see Materials and Methods and Fig. 5 of Zera et al. 2013). Prior kinetic studies (Zera et al. 2011) provided K_m estimates and saturating substrate concentrations used to design the kinetic analysis in the present study. V_{max} and K_m for a particular substrate (Na+ succinate or NADP+) were estimated by measuring reaction rates in triplicate for six concentrations of that substrate which bracketed the expected K_m , while keeping the other substrate constant under expected saturating conditions. (For additional details, see Zera et al. 2011). For a similar approach, see Piles and Towers 1979). Michaelis constants and V_{max} were estimated from the untransformed reaction rates using the nonlinear regression program Enzfitter (Biosoft). K_m was determined by dividing reaction rates by the enzyme protein concentration. In addition, Michaelis constants for each substrate were measured on LWI and SWI crickets from each of the six selected lines. K_m was estimated using hyperbolas of crude fat body homogenates (15,000 × g hom for 15 min) at pH 8.0, the pH at which enzyme assays have typically been performed, as well as at pH 7.0, the expected in vivo pH at the resting temperature of the crickets (28 °C) because of the large number of K_m estimates, we used the two-substrate method of Duggally (1979) as described in Zera et al. (2011).

Thermal Denaturation Experiment
NADP+–IDH from whole bodies of LWI and SWI selected lines of Block 2 were partially purified (each line separately) by anion exchange chromatography to remove substances that might influence thermal stability. Enzyme solutions were diluted in 50 mM K+ phosphate buffer, pH 7.8, containing 1 mg/ml BSA, 0.1% 2-mercaptoethanol, and 1% glycerol, and were incubated for varying amounts of time at 60 °C. Enzyme activity remaining was determined by comparison of incubated samples with enzyme diluted to the same degree in identical buffer and maintained on ice during the incubation period.

Statistical Assessment of Phenotypic and Genetic Differences Between Morphs for Various Biochemical Traits
The existence of overall (phenotypic) differences among LWI and SWI morphs for a particular trait (e.g., enzyme abundance) was assessed using a standard two-way analysis of variance (ANOVA) of the entire data set (i.e., all lines in all blocks) with morph (fixed effect) and block (random effect) as main effects. Significant phenotypic differences between morphs do not necessarily mean that morphs differ genetically for the trait under consideration. Genetic differences between morphs should be manifest as differences between LWI and SWI selected lines within a block that

was assessed essentially as performed previously (e.g., see Zera and Zera 2002; Zera and Zhao 2006, 2008).

NADP+–IDH Enzyme-Specific Activity
Mean ± SEM fat body NADP+–IDH-specific activity for the three pairs (blocks) of LWI and SWI selected lines measured on day of and 6th day after adult molt are given in Figure 3. Fat body NADP+–IDH-specific activity was low and did not differ significantly between LWI and SWI morphs on 0 (day of molt to adulthood) for data pooled across blocks (phenotypic variation; $F = 0.3$; full results of ANOVAs are listed in supplementary table S2, Supplementary Material online). No difference between LWI and SWI lines within Block 1 or 2 (1 tests; $P > 0.1$; Fig. 3; upper panel; supplementary table S3, Supplementary Material online) and only a slight difference between lines in Block 3 ($P < 0.05$) were observed, thus providing no evidence for genetic variation for this trait. No Morph × Block interaction was observed ($F = 0.9$; supplementary table S3, Supplementary Material online). NADP+–IDH-specific activity increased dramatically between 0d and 6d, but to a much greater degree in the LWI selected lines (Fig. 3, lower panel). On 0d, specific activity was significantly higher in the LWI compared with the SWI morph for data pooled across blocks ($P < 0.0001$; table S2, Supplementary Material online).

Figure 3: Bar chart showing NADP+–IDH-specific activity (nmol min⁻¹ mg protein⁻¹) for LWI and SWI morphs on Day 0 and Day 6 post-adult molt. The y-axis ranges from 0 to 200. LWI is represented by black bars and SWI by white bars. Error bars represent SEM. Significance markers (**, ***) are shown above the bars.

根据论文《The Biochemical Basis of Life History Adaptation: Molecular and Enzymological Causes of NADP+–Isocitrate Dehydrogenase Activity Differences Between Morphs of Gryllus firmus That Differ in Lipid Biosynthesis and Life History》中图3的描述，该图展示了人工选择的 *Gryllus firmus* 品系脂肪体 NADP+–IDH 特异性活性的情况。具体解释如下：

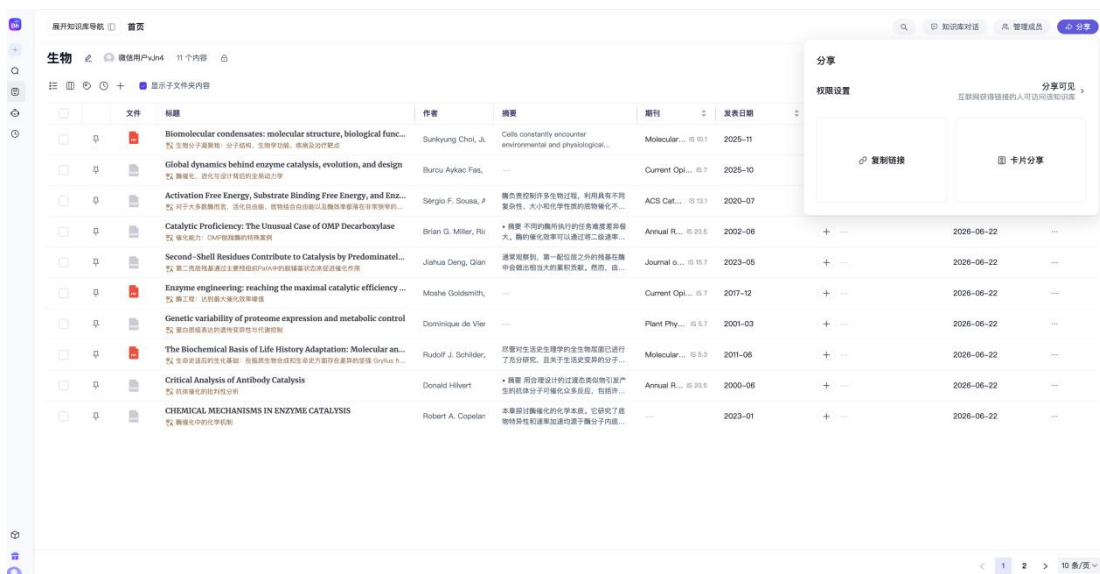
- 研究对象: *Gryllus firmus* (蟋蟀) 的脂肪体。
- 研究品系: 人工选择的长翅型 (LWI) 和短翅型 (SWI) 品系。
- 测量指标: NADP+–IDH (NADP+–异柠檬酸脱氢酶) 的酶活性。
- 测量时间点:
 - DO (成年羽化当天): 图的上方部分显示了羽化当天雌性蟋蟀的 NADP+–IDH 活性。
 - D6 (成年羽化后第6天): 图的下方部分显示了羽化后5-6天成年的蟋蟀的 NADP+–IDH 活性。
- 数据表示: 数值表示平均值 ± 标准误 (SEM)。

正在与该内容对话

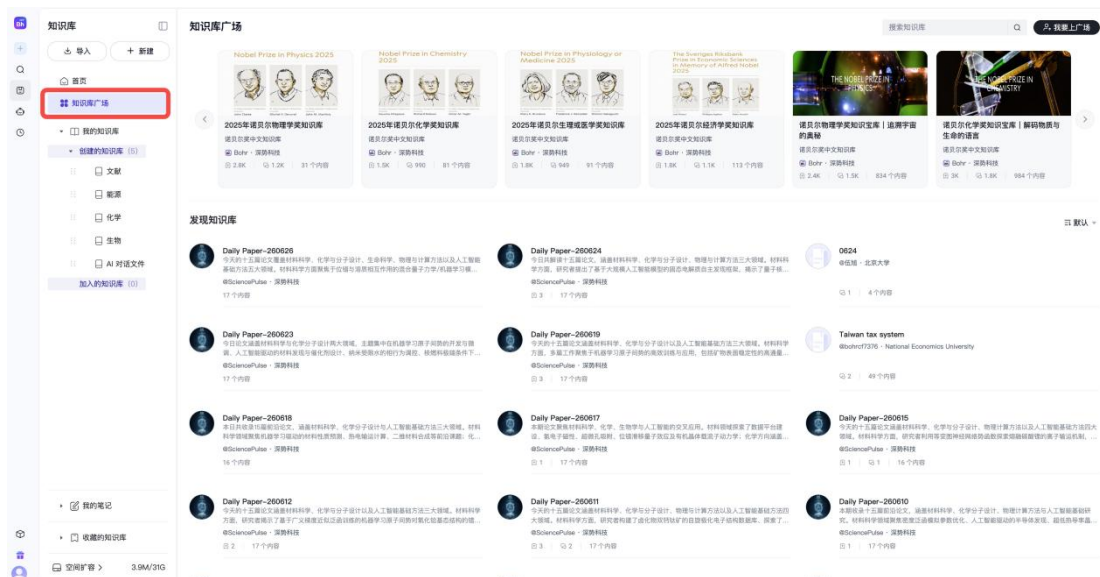
文献摘要 | 上传文件 | 对话历史 | 清除对话

3.4 共享知识库，沉淀个人/团队资产

- 支持分配知识库权限，共享给其他用户/课题组成员。

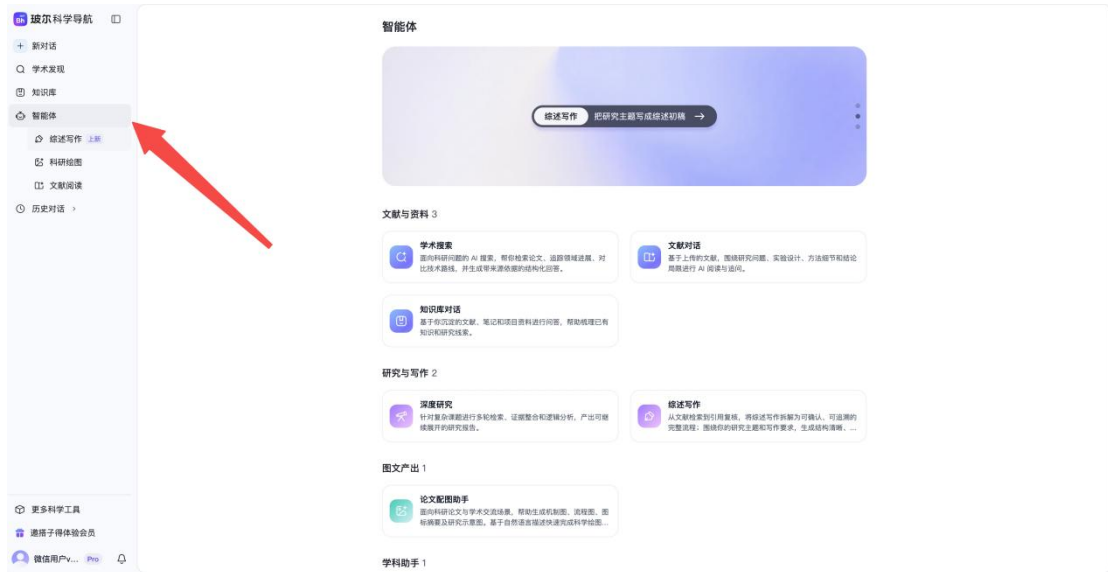


- 支持上传到知识库广场，公开分享给更多用户；或收藏感兴趣的公开知识库。



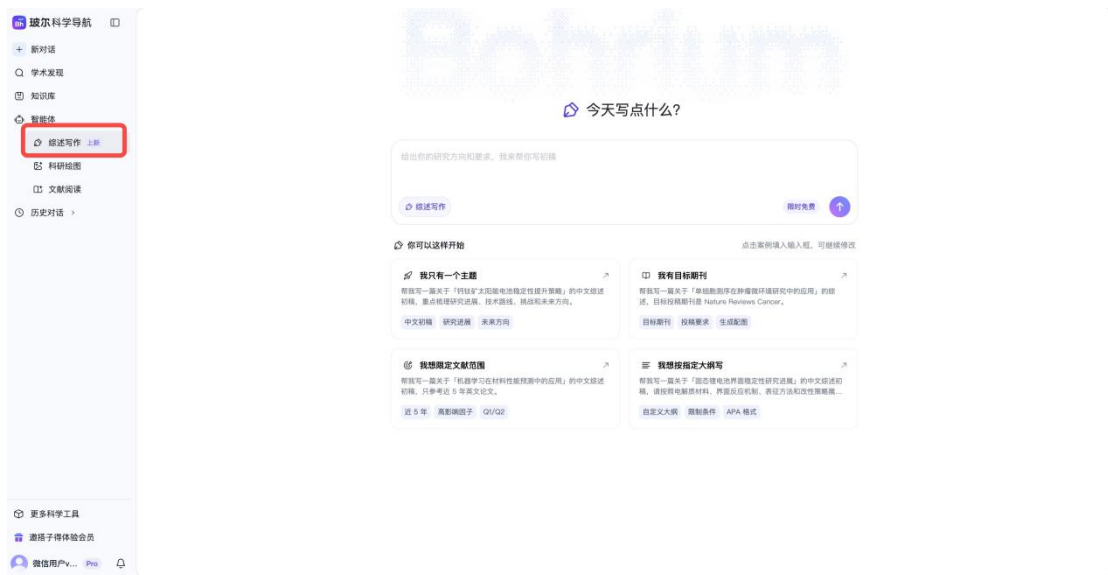
【智能体广场】：打通科研写作全流程

- 全新升级智能体广场，包含文献与资料、研究与写作、图文产出、学科助手四大类专业 AI 智能体；你可按需选用对应工具完成文献检索精读、课题深度分析、综述文稿撰写、科研配图绘制、化学专项检索等全场景科研工作流，一站式完成整套课题研究工作。



4.1 综述写作

- 提供四种定制撰写模式，智能梳理写作逻辑并生成标准化大纲与章节内容，支持多类素材一键成稿，可原位润色优化文稿表达，杜绝虚假引文，一键对齐期刊引用排版。



4.2 科研绘图

- 提供科研绘图功能，覆盖论文缩略图、原理 / 通路示意图、实验 / 算法流程图、期刊封面、单体素材库五大类绘图模板，用户可以设置参考图、图片参数，平台可自动优化提示词。

玻尔科学导航

- + 新对话
- Q 学术发现
- 📖 知识库
- 🤖 智能体
- 📄 综述写作 上新
- 📊 科研绘图**
- 📖 文献阅读
- 🗨️ 历史对话 >

更多科学工具

👤 邀请子得体验会员

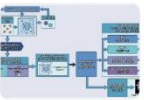
👤 微信用户V... Pro

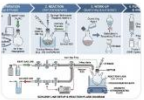
把研究内容画出来

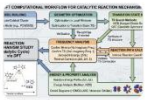
输入摘要、机制或实验流程，生成论文配图

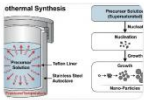
+ 科研绘图
简洁 期刊级
↻ 40/次

推荐示例 🔄 换一换


分子动力学模拟

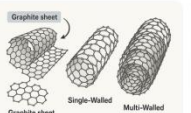

无水无氧反应

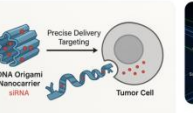

DFT 流程

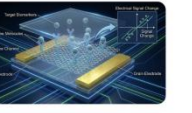

水热法合成纳米材料

精选 论文缩略图 原理/通路示意图 实验/算法流程图 期刊封面 单体素材库




Graphene sheet
Single-Walled
Multi-Walled


DNA Origami
Nanocarrier
Tumor Cell



概念图展示点击化学、人工智能(AI)与计算辅助药物设计(CADD)协同加速药物递送系统研发的综合流程。画面中央为靶向肿瘤细胞的纳米载体，表面通过点击化学反应(CuAAC或SPAAC)偶联功能化配体。背景左侧呈现AI深度学习网络(卷积神经网络结构)分析分子指纹与药代动力学数据，右侧为计算机模拟的分子对接与递送效率预测热图。中间时间轴以动态路径节点点击化学模块化组装、“体外/体内性能验证”至“临床转化”，各阶段用图标与简明标签标注。色彩采用科技蓝、生物绿与信号红突出关键过程。整体风格为透明玻璃质感的三维科学可视化，突显光高美医学意义与高效研发范式。

📄 简洁绘图 已思考



输入摘要、机制或实验流程，生成论文配图

+ 科研绘图
📄 模板 简洁 期刊级
↻ 40/次

内容由AI生成，请仔细甄别

4.3 文献阅读

- 上传文献文件即可结构化拆解论文内容，自动提炼**核心发现、研究方法**与专业概念，支持针对文献细节**持续追问**，实现**高效深度精读**，大幅缩短单篇文献研读耗时。



4.4 科学导航·化学版

- 专为化学科研打造的 AI 导航工具，依托千万级化学专属数据实现分子识图、反应结构化解析，所有结论附文献专利溯源，高效打通化学文献调研与实验方案设计链路，助力化学搜索工作从“大海捞针”到“精准制导”。



科学导航 化学版

AI 问答

快速检索

分子图片识别

专利文件解析

询问化学问题...

全部 仅专利 仅论文 联网

1000/次

专利情报与分析 咖啡因在专利中的溶剂溶解度数据汇总 →

化合物研发与合成 检索2022年6月30日前公开的包含复杂杂环结构的全球专利 →

文献检索与前沿追踪 基于生成式AI模型从头设计的新颖分子结构与性质预测的相关论文 →

实验方法与技术应用 检索次磷酸盐类促进剂CBS(CZ)合成中氧化步骤的清洗工艺专利(氧气/双氧水代替次磷酸钠) →

换一换