于 杨 课 题 组 · 教 学 网 页 说 明 书

脂蛋白结构模型 · Lipoprotein Structure Model · 使用说明书

单颗粒脂蛋白结构交互可视化 · 6 类脂蛋白 / 24 项脂质成分 / 18 种载脂蛋白 · 截面与外观双视图

适用对象：生物化学 / 脂质代谢 / 动脉粥样硬化方向教学　　对应网页：lipoprotein_structure_model.html　　编制：于杨课题组

1. 这个页面能做什么

本页把「一颗脂蛋白颗粒长什么样、里面装了什么」做成可交互的**单颗粒结构模型**：左栏选脂蛋白类型并用滑块调脂质组成，中间实时重算颗粒的**核心—表面双层结构**与粒径，右栏把该颗粒携带的载脂蛋白逐个列出并给出功能与分布。你可以：

- 在 `乳糜微粒` `VLDL` `IDL` `LDL` `HDL` `Lp(a)` 之间一键切换，观察六类颗粒的**典型组成**与体积差异；
- 拖动 24 项脂质成分的滑块，**实时**看核心（CE/TG/Cer…）与表面（FC/PL/SM/LPC…）比例如何变化、颗粒如何胀缩；
- 点击右栏载脂蛋白胶囊**添加/移除**，看表面蛋白带（ApoB-100、ApoE、ApoA-I…）在颗粒上生长或消失，并读该蛋白的功能与分布；
- 点顶部 `🔬 截面/外观` 在「外层看表面」与「剖开看核心」两种视图间切换；
- 用 6 个**病理预设**（sdLDL、lbLDL、TG 富集、oxLDL、高 Lp(a)…）一键跳到临床相关构型；
- 把一段文献文本粘进 `📥 导入文献`，页面自动识别其中的脂质数值并改写参数；
- 鼠标悬停在颗粒上，弹出该位置的成分速览。

2. 界面导览

顶部标题栏

中英标题 + 一行来源标注

右侧：截面/外观、关于、文献、导入文献

最右侧圆形按钮 = 昼夜模式切换

左栏（输入）

脂蛋白类型 6 按钮 → 脂质组成滑块（核心/表面分组）→ 表面特征三滑块 → 预设场景 6 按钮

中央画布（输出）

实时绘制的颗粒：核心脂质区、磷脂单层、表面蛋白带、糖萼、Lp(a) 尾部

颗粒下方标注粒径，四周标注 α/β 迁移位置

右栏（读数）

当前粒子信息（直径 / 形状 / 核心–表面比例 / apo 数 / 粗糙度 / 电荷 / 糖萼）→ 载脂蛋白胶囊 → 载脂蛋白详情 → 形状参数

底部为课题组声明条与页面右下角的「说明书 PDF」「本页二维码」胶囊。

3. 六类脂蛋白与典型组成

页面内置的六类颗粒按「密度递增、粒径递减」的顺序排列，组成数值为教学用典型值（质量百分比）：

类型	直径	核心脂质特征	表面特征	默认载脂蛋白
乳糜微粒 CM Chylomicron	80–500 nm	TG 约 84%，CE 仅约 5% —— 几乎是一颗纯甘油三酯球	粗糙度最高（0.7），电荷最弱（−0.3）	ApoB-48、A-I、A-IV、C-I/C-II/C-III、E、H
VLDL	30–80 nm	TG 约 55%、CE 约 8%	粗糙度 0.5、电荷 −0.5	ApoB-100、C-I/C-II/C-III、E
IDL	25–35 nm	TG 约 30%、CE 约 22%（转化中的中间态）	粗糙度 0.4、电荷 −0.6	ApoB-100、C-I/C-II/C-III、E
LDL	20–25 nm	CE 约 42%、TG 仅约 6% —— 胆固醇酯核心	粗糙度 0.3、电荷 −0.7	ApoB-100（**唯一**）
HDL	8–12 nm	PL 约 35%、CE 约 15%；形状可呈盘状/球形	糖萼最厚（0.25）、电荷 −0.8	A-I、A-II、C-I/C-II/C-III、D、E、J、L1、M、O
Lp(a)	25–30 nm	CE 约 38%（类 LDL 核心）	多一条由 Apo(a) Kringle IV 构成的**尾部**	ApoB-100 + Apo(a)

> **课堂抓手**：从 CM 一路点到 LDL，看 TG 从 84% 掉到 6%、CE 从 5% 升到 42% —— 这正是「脂解 + 胆固醇酯化」两条线共同作用的结果；再点到 HDL，表面占比首次超过核心，颗粒的「功能从运脂转向回收胆固醇」就直观了。

4. 脂质成分体系（24 项：核心 6 + 表面 18，基于 LIPID MAPS 分类）

滑块按 **核心层 / 表面层** 分组，每项给出中文名、英文名与缩写、以及所属 LIPID MAPS 大类：

层	成分（缩写）	LIPID MAPS 大类
核心 6 项 · core	胆固醇酯 CE、类胡萝卜素酯 CAR、视黄醇酯 RE	固醇脂 ST
	甘油三酯 TG、二酰基甘油 DAG	甘油酯 GL
	神经酰胺 Cer	鞘脂 SP
表面 18 项 · surface	游离胆固醇 FC、氧化固醇 OxS	固醇脂 ST
	磷脂（总）PL、磷脂酰胆碱 PC、磷脂酰乙醇胺 PE	甘油磷脂 GP
	磷脂酰丝氨酸 PS、磷脂酰肌醇 PI	甘油磷脂 GP
	磷脂酰甘油 PG、磷脂酸 PA	甘油磷脂 GP
	鞘磷脂 SM、鞘糖脂 GSL	鞘脂 SP
	溶血磷脂酰胆碱 LPC、溶血磷脂酰乙醇胺 LPE、醚磷脂 Ether、缩醛磷脂 Plasm	甘油磷脂 GP
	游离脂肪酸 FFA、糖脂（总）GL、辅酶 Q CoQ	脂肪酰基 FA / 糖脂 SL / 法呢醇 PR

核心成分以中性脂为主，构成颗粒的疏水内核，其总量决定核心半径；表面成分构成磷脂单层，决定颗粒的表面性质。每种成分在页面上有固定配色（核心暖色系：CE 金、TG 橙、Cer 粉；表面冷色系：PL 蓝、SM 紫、LPC 青），画布与滑块颜色一致，便于对照。

5. 载脂蛋白（18 种）

点击胶囊即可添加/移除。已添加的蛋白在颗粒表面以不同高度与颜色的「蛋白带」呈现，数量越多、表面越厚。

载脂蛋白	分子量 (kDa)	主要功能	分布
ApoA-I	28.3	HDL 主要结构蛋白；激活 LCAT 介导胆固醇酯化，ABCA1 介导胆固醇流出	HDL、preβ-HDL
ApoA-II	17.4	HDL 次要结构蛋白；抑制 HL 活性，调节 HDL 代谢	HDL
ApoA-IV	14.6	激活 LCAT，促进胆固醇酯化；参与 CM 合成	CM、HDL
ApoA-V	39.1	调节 TG 代谢，影响 LPL 活性，控制 VLDL 组装	CM、VLDL、HDL
ApoB-100	512.7	LDL/VLDL/IDL 的结构蛋白；结合 LDLR 介导清除（不可互换）	VLDL、IDL、LDL、Lp(a)
ApoB-48	264.4	CM 的结构蛋白；肠道合成，N 端与 B-100 同源	CM
ApoC-I	6.6	激活 LCAT，抑制 CETP，参与 HDL 重构	CM、VLDL、HDL
ApoC-II	8.9	LPL 必需辅因子，激活 TG 水解	CM、VLDL、HDL
ApoC-III	8.8	抑制 LPL 活性，抑制肝脏摄取 TGRL	CM、VLDL、HDL
ApoD	19.3	脂质转运蛋白，介导 CE 在 HDL/VLDL 间转运	HDL、VLDL
ApoE	34.1	结合 LDLR/LRP1 介导清除；三种等位基因 E2/E3/E4	CM、VLDL、IDL、HDL
ApoF	29.3	调节 CETP 活性，特异性抑制 CE 从 HDL 向 VLDL 转运	HDL、VLDL
ApoH（β2-糖蛋白）	43.3	抑制内源性凝血途径，结合带负电荷表面	CM、VLDL、HDL
ApoJ（簇集素）	49.3	分子伴侣蛋白，参与补体调节，与淀粉样蛋白清除相关	HDL
ApoL1	39.6	脂质转运，Toll 样受体调控，与肾脏疾病相关	HDL
ApoM	25.3	结合 S1P，参与 HDL 代谢与内皮保护，形成前 β-HDL	HDL
ApoO	19.8	结合 ABCA1，调节胆固醇流出，参与脂肪细胞脂质代谢	HDL
Apo(a)	300–800 依 Kringle IV 重复数	Lp(a) 特有蛋白，含 Kringle IV 重复（10–40+）与蛋白酶样结构域	Lp(a)

6. 表面特征与形状参数

参数	含义	教学用法
表面粗糙度	表面蛋白与糖萼造成的起伏程度（0–1）	CM 最高、LDL 最低；粗糙度越大，颗粒表面越「毛」
表面电荷	表面净电荷（负值）	HDL 最负（−0.8）、CM 最弱（−0.3）；与电泳迁移率、受体结合相关
糖萼厚度	表面糖链层厚度（0–0.5）	HDL 最厚；与 ApoH/M 等糖蛋白相关
直径	按脂蛋白类型给出的典型区间	切换类型时看粒径与核心比例同步变化
核心比例	核心脂质占总脂质的比例	由滑块实时计算：`coreFrac = Σ(核心成分) / Σ(全部成分)`
表面单层厚度	画布上的示意厚度（像素）	提示磷脂单层的相对占比，非物理尺度

7. 六种病理预设

预设	改变的参数	临床/教学要点
正常 Normal	回到该类型标准组成	基线，用于与其它预设对照
小密 LDL sdLDL	直径 < 25.5 nm；TG ↑、CE ↓、PL ↓、FC ↑	small dense LDL —— 致 AS 性增强，常见于代谢综合征
大浮 LDL lbLDL	直径 > 26 nm；CE ↑、TG ↓	large buoyant LDL —— 相对「无害」的一端
TG 富集 TG-rich	TG 显著升高、CE 下降	糖尿病 / 胰岛素抵抗下的脂蛋白重构，经 CETP 交换形成
氧化 LDL oxLDL	OxS ↑、LPC ↑、磷脂氧化，表面特性改变	巨噬细胞清道夫受体摄取、泡沫细胞形成的起点
高 Lp(a) High Lp(a)	切到 Lp(a) 颗粒，Kringle IV 重复增加（尾部变长）	Lp(a) 为独立心血管风险因子，尾部长度与风险相关

> **预设是「教学示意」，不是诊断阈值**：预设只按定性方向改写组成与尺寸参数，用于演示趋势与机制关系；真实临床判读请以检验报告与相应指南为准。

8. 「导入文献」怎么用

1. 点顶部 `📥 导入文献`，把一段含脂质组成数值的文字粘贴进文本框（例如某篇论文的 Table 或正文段落）；
2. 点解析：页面按关键词匹配识别脂质成分名与紧随其后的数值，写入对应滑块；

3. 识别结果会逐条列出「识别到什么 → 写成多少」，核对无误后关闭即可看到颗粒已重建。

> **使用建议**：粘贴前先把文本里的组分名与数值整理清楚（如「CE 42.8、TG 6.6、PL 25.4」），识别率最高。数值单位请统一为质量百分比，页面不做单位换算。

9. 课堂使用建议

讲结构：CM → LDL → HDL

用类型按钮串联「甘油三酯球 → 胆固醇酯核心 → 磷脂表面主导」的演化，配合截面视图看核心占比。

讲蛋白：ApoB-100 的「不可互换」

在 LDL 上只剩 ApoB-100 一个胶囊——正好讲清「一颗 LDL 只有一个 B-100、不能被其它 apo 替代」。

讲疾病：sdLDL 与 oxLDL

点两个预设，让学生说出「粒径/组成/表面电荷」各变了什么，再回到 LDLR 与清道夫受体两条清除路径。

讲方法：从文献回填参数

把真实论文的组成表粘进导入框，让学生看到「文献数据 → 可视化模型」的闭环。

10. 参考文献

[1] Quehenberger O, Armando AM, et al. Lipidomics reveals a remarkable diversity of lipids in human plasma. *J Lipid Res*. 2010;51(12):3299–3305. PMID **20980440**（人血浆脂质组多样性）

[2] Schmidt K, Noureen A, Kronenberg F, Utermann G. Structure, function, and genetics of lipoprotein (a). *J Lipid Res*. 2016;57(7):1339–1359. PMID **27112538**

[3] Hoover-Plow JL, Huang M. Lipoprotein(a) metabolism: potential sites for therapeutic targets. *Metabolism*. 2013;62(4):479–491. PMID **23000608**

[4] Fahy E, Subramaniam S, et al. A comprehensive classification system for lipids. *J Lipid Res*. 2005;46(5):839–861. PMID **15832475**（LIPID MAPS 分类体系）

[5] Subramanian SP, Gundy RL. The known unknowns of apolipoprotein glycosylation in health and disease. *iScience*. 2022;25(10):105031. PMID **36219824**

[6] Konishi T, Takahashi Y. Lipoproteins comprise at least 10 different classes in rats. *PLoS ONE*. 2018.（各类脂蛋白脂质与蛋白组成）

[7] Skipski VP, et al. Lipid composition of human serum lipoproteins. *Biochem J*. 1967;104(2):340–352. PMID **6048776**

参考文献条目取自页面内置「📚 文献」列表，PMID 按页面标注转录；正式引用前建议在 PubMed 复核。

11. 使用与准确度说明

- **组成数值为教学典型值**：各类型脂质百分比为文献中的代表性取值，个体间差异很大，不可作为临床判读依据；
- **几何为示意**：颗粒绘制经过尺度缩放（CM 与 HDL 的真实直径相差数十倍，同屏无法等比例显示），核心/表面比例按实时计算绘制；
- **载脂蛋白分子量**：除 Apo(a) 随 Kringle IV 重复数变化外，其余为常用参考值；

- **昼夜模式**：页面支持明/暗两种配色，切换按钮在右下角（与全站一致）；颗粒画布为保持荧光成分色的可辨识度，两种模式下均使用深色画布；
- **复制与离线**：页面为单文件，可离线打开；如需在本机演示，直接双击 HTML 即可。

本页面为于杨课题组制作，仅供学习交流使用；如有建议或疑问，请在公众号「于杨课题组」留言。

本页面为于杨课题组制作 · 鲁ICP备2026049310号 | 鲁公网安备37010402441672号

说明书版本 v1.0 · 对应网页 lipoprotein_structure_model.html · 编制日期 2026-09-20