

## 一、研究前沿：

**Cell:** 表观基因组学重大进展

**Nature:** 诺奖得主沃森基因组分析结果公布

60 权威科研机构启动“基因组疾病”研究

**Cell:** 成熟B细胞可重组成干细胞样状态

**Nature:** 血管生成研究的新发现促进癌症的治疗  
基因组研究揭示II型糖尿病起源

## 二、国内学者成果

宿兵研究组microRNA研究又发新文章

上海交大：人参降血糖机制又突破

陈大华发表干细胞最新研究成果

中科院高光侠《PNAS》再发蛋白研究重要进展

中科院袁志明等基因组测序研究获新进展

## 三、热点关注：

“千人基因组”成 08 诺贝尔奖热门

NIH资助聚焦斑马鱼研究

斯坦福发现胎盘起源首个线索

## 四、技术文章：

新芯片技术揭示干细胞MicroRNA模式

PLoS: “基因表达—环境”作用新发现

Science: 装配心脏“发动机”的平滑肌蛋白



# Cell: 表观基因组学重大进展

生物通报道: 近期, 新的高通量测序技术使 Salk 生物研究所的研究人员描绘出模式植物拟南芥基因组中的个体 DNA 修饰, 并且弄清了对拟南芥 26000 个基因中每个基因活性的影响!

Salk 研究所植物生物学实验室的 Joseph Ecker 博士解释说, 在很长一段时间里, 一种流行观点认为个体修饰并没有那么关键。高等真核生物基因组被这种表观修饰进行了加工。但是, 除非能够进行大规模的详细分析, 否则是无法知晓一个特定的表观遗传标记关键与否。

Salk 的这项研究的结果发表在最新一期的《Cell》杂志上, 该研究描绘出表观基因组的一种动态、不断变化的详细图谱。表观基因组是基因序列本身内在调节之外的一层基因控制。

对表观基因组的细节和整体研究将会使研究人员更好地了解植物生产和胁迫抗性、人类基因组的动态变化、干细胞自我更新能力和表观因素如何促进肿瘤和疾病的发生。

近年来的发现使人们越来越清楚地知道, 遗传学的内容远远不止构建我们基因的基本构建序列。表观修饰(如将甲基等分子添加到 DNA 骨架上而不改变 DNA 序列本身)能够改变基因与细胞转录机器之间的反应方式, 并且使细胞拥有了微调基因表达的一个另外的工具。

这项新研究的目的是整合多重水平的表观遗传信息, 其原因是由于我们对全基因组甲基化调节了解的还很少。

转录体包括所有来自 DNA 的 RNA 拷贝或专利本。转录体又 mRNA 构成, 它充当蛋

白质制造的模板, 当然也包括调解性的小 RNA 即 smRNA。

在 Lister 博士开始研究控制基因表达的多层次表观调节前, 他不得不先研发使他能够分析单碱基分辨率的基因组甲基化技术以及测序完整转录体的技术。

参与这项研究的 Western Australia 大学 ARC 植物能源生物卓越中心的研究人员开发出一种强大的网络基因组浏览器, 这种技术对解读大量数据中隐藏的信息至关重要。

细胞利用一个酶“军团”将甲基添加到特定位置上, 从而维持已建立的模式或去除不希望的甲基集团。当 Lister 和同事比较正常细胞和缺少特定酶联合的细胞时, 他们发现细胞耗费大量“精力”维持基因组特定区域的非甲基化状态。

另外, 他们还发现, 当敲除掉整个甲基化酶时, 一种不同类型的甲基化酶会补上缺口。这一发现与一类新的抗癌药物有关, 这类药物通过改变肿瘤细胞中的甲基化模式起作用。

研究人员表示, 当你成功敲除一种甲基化酶, 却可能增加了另外一种类型的甲基化酶。Echer 表示, 他们不久将能够弄清发生了哪种成分的改变以及如何避免不希望的结果。

之前的研究发现, 一套小 mRNA 分子能够指导甲基化酶到达基因组 DNA 区域。基因组范围的甲基化和 smRNA 数据表证实, 能与



smRNA 序列匹配的 DNA 片段中甲基化的精确地增加。相反, 严重甲基化的阿 smRNA 位点往往产生更多的 smRNA。

研究人员表示, 尽管他们只是研究了植物基因组, 但他们的方法能够用于任何生物系

统, 当然也包括人类。尽管人类基因组比拟南芥基因组大 20 倍, 但 Echer 预测在一年内的时间里, 测序技术将获得更大进步并足以确定 30 亿人类基因组碱基对与它们的甲基化情况。(生物通雪花)



### QuantiTect Reverse Transcription Kit

完整的试剂, 包含酶, buffer, dNTP mix, RNase-free water  
Oligo-dT 和 Random primer: 起始 RNA 10pg – 1 ug

- 双重逆转录酶混合物, cDNA 产量高
- 5'端的片段也可以得到高效逆转录
- 独特 buffer, 2 分钟去除 gDNA 污染

普通规格	货号	目录价
50 次	205311	¥2690
200 次	205313	¥9160

### Omniscript RT Kit

含酶, buffer, dNTP mix, RNase-free water  
高效逆转录起始 RNA 为 50 ng-2 ug 的模板

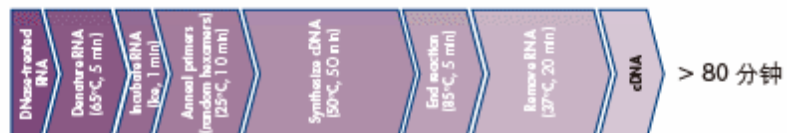
- 逆转录酶与模板结合力强, 转录效率高
- 适合高GC含量和二级结构复杂的模板
- 特异性降解RNA:DNA双链中的RNA, 提高后续检测灵敏度

### 快速方便的 cDNA 合成 专为两步法 Real-time RT-PCR 设计

QuantiTect RT



Enzyme S<sub>2</sub> (Supplier 1)



普通规格	货号	目录价
10 次	205110	¥530
50 次	205111	¥2020
200 次	205113	¥7140

# Nature:

## 诺奖得主沃森基因组分析结果公布

生物通报道：在宣布完成诺贝尔奖得主 Jim Watson 的基因组测序一年后的今天，来自美国 Baylor 医学院和罗氏 454 生命科学的研究人员公布了对这个基因组的 DNA 和细节内容的一项分析结果。首次公布的人类基因组是通过 post-Sanger DNA 测序平台完成。

在这项研究的基础上，通过使用 454 公司的测序技术，Baylor 的研究人员正在计划测序更多的人类基因组。这项研究的结果公布在《自然》杂志上。

研究人员测序了沃森基因组的两套染色体，并分析了未成对序列。这些数据由 454 公司在两个月内花费不到 100 万美元获得的。

研究组确定出这个基因组中的 330 万个 SNP，其中超过 60 万个是之前未知的。大约 10500 个 SNP 导致氨基酸替代，进而可能改变蛋白质功能。

另外，他们还检测到 20 万个小的插入和删除多态性，以及少数的拷贝数变异，这些能导致染色体区域中的局部变化。值得一提的是，他们还测序了人类参考基因组中不不含的基因组序列部分。

沃森在去年五月收到了他的基因组序列，并容许研究人员公布这些数据。但这个基因组忽略调了 Apolipoprotein E 基因和临近的阿尔茨海默症相关序列。

58 年前，美国生物学家詹姆斯·沃森与弗朗西斯·克里克共同发现了脱氧核糖核酸

(DNA) 分子结构的双螺旋模型，并因这项重大突破而获得诺贝尔奖。2007 年 5 月 31 日，在得克萨斯州休斯敦的贝勒大学举行的庆

祝仪式上，79 岁的沃森成为自己研究的受益者——他获得了美国康涅狄格州的“454 生命科技公司”赠予他的一对储存着自己全部基因序列的 DVD 光盘，从而也成为世界第一份完全破译的“个人版”基因组图谱的拥有者。这份奖品也被很多媒体称为个人“生命天书”。

1990 年启动的“人类基因组”计划用了 10 年时间才完成草图绘制，而且成本高达数十亿美元。然而，这次沃森的图谱绘制采用了新的测序技术，不但极大地提高了效率，而且只花费了不到 200 万美元。为沃森进行基因组排序的美国“454 生命科学公司”总公司总裁表示，“随着价格的下降，我们可以为特定的人做基因组排序了”。

沃森的个人基因组图谱将被收入美国国家健康协会的数据库，并向全世界公开。研究者可以从中找到被认为与基因有关的疾病、智力、冒险精神、信仰和性格等问题的密码。

沃森希望通过自己的行动带动更多的人进行基因测序。他认为，了解这些信息有助于提早预防癌症、心脏病、阿尔茨海默氏症等多种顽疾，甚至还能让人更富有同情心。“我们会了解有些人的天生局限，我们会放弃按自己的意愿培养孩子的一些不切实际的想法。会去帮助他们，而不是对他们发火。”（生物通雪花）



# 60 权威科研机构 启动“基因组疾病”研究



生物通报道：英国 Wellcome Trust (维康信托基金会) 研究所在一项声明中指出，以 Wellcome Trust 为首、包括 60 个国际研究机构联合推进的一系列新的基因组相关研究将会分析 12 万人的 DNA。

Wellcome Trust Case Control Consortium 将会使用 3000 万英镑研究基因组在 25 种疾病中的作用以及研究儿童学习和个体对药物 statins 反应的遗传学信息。

牛津大学教授、该协会的主席 Peter Donnelly 教授表示，人们对人类基因组和迅速进步的测序技术的突破意味着我们能够更快、更大规模地进行强大分析。

Wellcome Trust Sanger 研究所将会进行大部分的 DNA 检测，并且大部分数据分析将会在牛津大学 Wellcome Turst 人类遗传学中心进行。

在为期两年的项目执行期间，Wellcome Trust 和它的合作者们将会分析 1200 亿个基因数据片段，以寻找可能与多发性硬化症、精神分裂症、哮喘和其它疾病等多种疾病有关的基因。研究人员将会研究每个样本中的 50 万到 100 个 SNP 和全套拷贝数变异。

今年的 2 月，Wellcome Trust 公布了它的增加生物医学研究经费的计划，表示将在接下来的 5 年里出资 40 亿英镑用于医学需要和寻求科学机会。

去年，Wellcome Trust Case Control Consortium 公布了它的耗资 900 万英镑的遗传学和疾病研究获得的数据。

英国维康信托基金会是一家独立的资助

科学研究的慈善机构，由亨利·威康爵士于 1936 年创办。基金来源于私人捐款并以长期稳定和增殖的方式进行经营管理。其使命是“培育和促进用于改善人类和动物健康的科学研究”。

此前，以色列耶路撒冷的希伯来大学将启动一个新的 DNA-疾病数据库和基因分型服务。希伯来大学基因资源 (HUGR) 是一个常见疾病遗传相关研究的“病例对照 DNA 数据库”。该数据库的建立的目的是使研究人员能够通过 HUGR 网址选择样本、定制他们感兴趣的 SNP 分型，然后在 6 周内接收数据。

目前，HUGR 拥有 15000 个从以色列犹太人血液样本中抽提出的 DNA 样品。该校的遗传学家 Ariel Darvasi 表示，建这个数据库的基础就是有能力检测遗传相关性的 DNA 资源。

这个数据库囊括了代表 16 种不同疾病的样本，包括 I 型和 II 型糖尿病、各种癌症、神经和精神疾病、高血压和哮喘。这些样本还包含了从基因型到治疗和效果的家族历史等信息。

这个数据库中，每种疾病大约有 500 到 1200 个样本和含有 5000 个健康对照个体的 DNA 样本的对照组。之所以将这个数据库叫做 HUGR，就是因为它很巨大“huge”。

HUGR 成员计划使用所有样本的

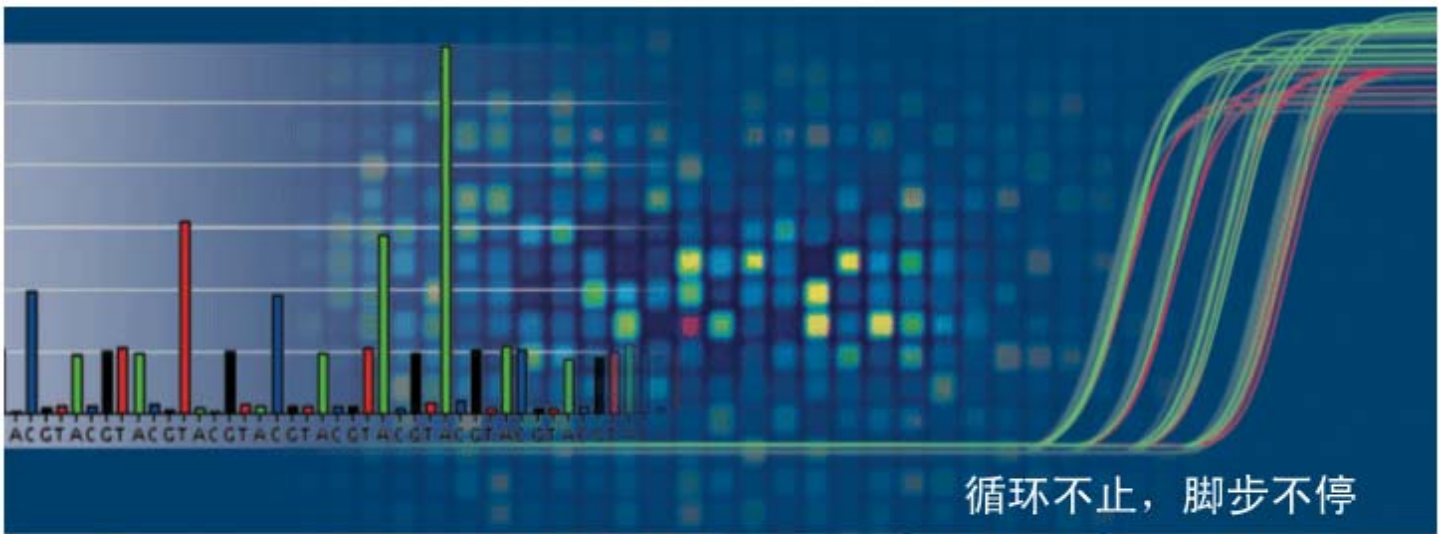
Kbioscience genotyping。Darvasi 指出，HUGR 服务的本身并不是为了提供基因组相关数据，而是细微能够帮助研究人员获得个体 SNP 的数据。

获得这些样本信息没有空间局限性，并且

能够用于非常严格准确的科学研究。由于捐献样本的个体已经签订了对样本的弃权书，并同意进行遗传学研究，因此任何研究团体都可使用这些样本而不会牵扯版权问题。（生物通雪花）



## 系列技术及应用讲座



循环不止，脚步不停

454  
SEQUENCING

NimbleGen

Light Cycler

本次讲座上，罗氏应用科学部的研发专家、技术人员将和您一起分享、探讨当前基因组学研究领域的最新进展，及应用于基因序列测定、基因结构分析、单核苷酸多态性（SNP）检测和表达调控研究等方面的最新思路和方法。

我们诚挚地期待您的光临！

### 讲座内容：

甲基化、RNA编辑及其他表观基因组学问题的新答案  
——实时定量PCR技术与方法进展

Dr. Yuli SUN

R&D Department, Roche Diagnostics

孙宇立博士在医学分子生物学领域有丰富的研究经验，对小儿脊髓性肌肉萎缩症发病的分子机制及相关突变的研究颇有造诣。目前在德国罗氏诊断负责实时定量PCR系统及相关试剂的应用研发及支持工作。

届时现场还有丰富  
活动邀请您参加！

### 罗氏诊断产品（上海）有限公司

#### 罗氏应用科学部

上海市淮海中路1045号

淮海国际12楼

Tel: 021-2412 1000

Fax: 021-2412 1188

邮编：200040

邮箱：[china.as@roche.com](mailto:china.as@roche.com)

#### 北京办事处

北京市东长安街1号东方广场

东方经贸城中二办公楼609室

Tel: 010-8515 4100

Fax: 010-8515 4188

邮编：100738

#### 广州办事处

广州市环世东路403号

广州国际电子大厦2701室

Tel: 020-8732 3050

Fax: 020-8732 3048

邮编：510095

# Cell: 成熟 B 细胞 可重组成干细胞样状态

生物通报道: 根据 4 月 18 日公布在《细胞》上的一项研究的结果, 没有使用卵子, 完全成熟, 已分化的 B 细胞也可重组成胚胎干细胞样的状态。

在以前的研究中, 诱导的多能干细胞 (IPS) 的已可由成纤维细胞生成, 成纤维细胞是特定类型的皮肤细胞, 可以分化成其他类型的皮肤细胞。因为没有办法分辨成纤维细胞是否完全分化, 所以用在先前实验中的细胞可能是较少分化的, 因此更容易转化为胚胎干细胞样状态的 IPS 细胞。

B 细胞是免疫细胞, 可以结合特异性抗原, 如蛋白质, 由细菌, 病毒或微生物。不像成纤维细胞, 成熟 B 细胞成熟的最后一步中, 有一部分特殊的 DNA 会被剔除。“一旦这块 DNA 被删掉, 就不能再回来了”, 该论文的第一作者 Jacob Hanna 说, “给我们通过检查基因组的办法, 确保由此产生的 IPS 细胞不是来自不成熟的细胞”。

Hanna 和他的同事们开始了从未成熟的 B 细胞产生 IPS 细胞的实验。与用成纤维细胞来制造 IPS 细胞的过程类似, 通过反转录病毒将 4 个基因(Oct4, Sox2, c-Myc 和 Klf4) 转入细胞的 DNA, Hanna 成功将未成熟的 B 细胞重组为 IPS 细胞。

不过, 另外一个因子 C/EBP $\alpha$ , 是促使成

熟 B 细胞重组成为 IPS 细胞所需要。

类似于来自早期成纤维细胞的 IPS 细胞研究, 从成熟和未成熟的 B 细胞而来的 IPS 细胞都有可能被用来生成小鼠。重组的成熟 B 细胞得来生长的小鼠丢失的 DNA 部分与成熟 B 细胞的一样, 从而证明了 Hanna 和他的同事们已成功重组了完全分化的细胞。

除了证明重组能力之外, 这项研究工作也提供了希望, 为自身免疫性疾病、多发性硬化症及 I 型糖尿病而制备功能强大的新小鼠模型, 其中这些疾病都会攻击某些类型的自身细胞。举例来说, 特异地作用于神经胶质细胞成熟 B 或 T 细胞中, 可重组成的 IPS 细胞, 然后用于制造小鼠, 这个小鼠的整个免疫系统, 本来只是胶质细胞受到攻击时才会产生的。这样就可以制造出一种研究多发性硬化症的小鼠模型。

最终, 通过人类细胞的类似过程, 研究人员将能够研究人类的疾病。这将让人们把一个复杂的人类遗传病转变成为一个培养皿的问题。这可能是研究疾病, 并确定一种疗法的第一步。(生物通)



**Miltenyi Biotec**  
德国美天旎生物技术公司

#### 上海办事处:

上海市仙霞路319号远东国际广场A栋2301室

Tel: 021-62351005

Fax: 021-62350953

#### 北京办事处:

北京市朝阳区东三环北路2号南银大厦916室

Tel: 010-64107101

Fax: 010-64107102

#### 驻广州代表:

Tel: 13580581158

免费服务热线: 800 820 2606

技术支持信箱: [macs@miltenyibiotec.com.cn](mailto:macs@miltenyibiotec.com.cn),  
[miltenyibiotec@china.com](mailto:miltenyibiotec@china.com)

公司英文网站: <http://www.miltenyibiotec.com/>

公司中文网站: <http://www.miltenyibiotec.com.cn/>

# Nature:

## 血管生成研究的新发现促进癌症的治疗

生物通报道：1971年，科学家提出了肿瘤血管生成（tumor angiogenesis）的概念。到今天，已经有数种血管肿瘤生成抑制剂在市场上销售，如基因泰克（Genetech）公司的贝伐单抗（bevacizumab，商品名 Avastin）和辉瑞公司的 SU11248（商品名 Sutent）。这些抑制剂靶向与血管内皮细胞，可抑制肿瘤的生长和转移，对防治肿瘤有一定的效果。但是，免疫系统产生的免疫细胞，无法通过在肿瘤中生长的血管进入到肿瘤的薄壁细胞，因此难以真正治愈致命的实体瘤。不过，澳大利亚西部医学研究院（Western Australian Institute for Medical Research）的科学家 Ruth Ganss 领导的一个国际合作小组，经过研究发现，通过操纵“总开关”基因，就能够让生长在肿瘤中的血管恢复正常。这个研究结果将会对癌症的治疗产生深远的影响。该研究的论文4月16日发表在著名的《自然》（Nature）杂志在线版上。

科学家们早就知道，肿瘤血管生成是肿瘤发生和发展过程中必不可少的。当肿瘤的大小超过1~2mm时，其继续生长就依赖于新生的血管来提供营养。这些新生的肿瘤血管不同于正常的血管，不仅形态异常，而且丧失了层次和结构。这种异常的血管在不断的生成过程中，常常会导致自发的出血，以及组织间隙液压的升高。更为严重的是，这些肿瘤血管会阻止免疫细胞进入肿瘤。因为免疫细胞无法到达肿瘤组织，所以也就无法清除它。这是当前治疗癌症的一大难题，但是，由于人们对肿瘤血管生成的分子机制了解得并不透彻，因此也找不到行之有效的办法。

为了解决这个问题，Ganss 及其同事研究了与肿瘤血管生成有关的 G 蛋白信号通路（G-protein signalling）。他们发现，一个 G 蛋白信号通路的调节因子（Rgs5）对于肿瘤血管生成具有全局的调控作用，是一个总开关。研究人员关闭了 Rgs5 基因的表达，发现周细胞正常成熟，血管的形态和结构也接近于

一般血管，血管中低氧的现象明显减轻，血管也没那么容易破裂。这些现象表明缺失 Rgs5 之后，肿瘤中生成的血管恢复正常了。

研究人员想知道，通过确实 Rgs5 而使肿瘤血管生成的正常化，是否会有助于癌症的治疗。在进一步的研究中，他们在小鼠中证实，肿瘤内部的血管正常之后，免疫效应细胞就能够大量涌入到肿瘤的薄壁细胞，显著地延长了小鼠的寿命。

研究人员表示，这是第一次实验证明，通过缺失一个基因的功能，能够减轻肿瘤的血管生成，提高现有免疫疗法的效果。这也是第一次发现 G 蛋白信号通路在肿瘤血管生成中的作用。（生物通）

原始论文：

Hamzah J et al. Vascular normalization in Rgs5-deficient tumours promotes immune destruction. Nature. Published online 16 April 2008



# 基因组研究揭示 II 型糖尿病起源

生物通报道：II 型糖尿病是一种慢性疾病，在全世界的发病率逐年上升。在法国，大约 800 万人罹患这种疾病。而且，这些数据还因为很多没有进行诊断而被低估。新公布的对 II 型糖尿病遗传学的大型研究分析使研究人员对这种疾病的起源有了新了解。

由 Helmholtz Zentrum Muenchen 的研究人员参与的这个国际研究项目证实了这种疾病至少部分是由于产胰岛素细胞的错误调节。

新公布的这项大型分析研究由来自 40 多个研究中心的 90 名科学家参与，研究组对 15 项欧洲和美国研究计划所得数据进行了评估。这项研究鉴定出了 6 个新基因在 II 型糖尿病形成过程中起到一定作用。自从，与这种病相关的基因增加到了 16 个。

II 型糖尿病的特征是血糖水平的长时间升高，如果不加治疗会导致血管、肾脏和其它重要器官的损伤。生活方式因素（如其中超标和缺乏锻炼）在这种疾病的发生过程中起到重要作用。而且，遗传因素在这种疾病中也扮演重要角色。最新获得的信息则使研究人员对负责控制血液中血糖水平的机制有了新了解。

这项大型分析包括了超过 70000 参与者的研究。研究人员说，这 6 种此前未知的基因中的任何一种都会略微增加人们罹患糖尿病的风险，而不幸拥有全部 6 种基因的人罹患糖尿病的几率比一般人高 2 倍到 3 倍。

研究项目负责人之一、英国牛津大学的马克·麦卡锡说，此前在糖尿病研究人员的“雷达屏”上从未出现这 6 种基因中的任何一种，发现它们将可能为了解糖尿病的形成过程提供新线索，为开发防治这种慢性疾病的新方法带

来机会。

据世界卫生组织估计，全世界有 1.8 亿多名糖尿病患者，这一数字到 2030 年可能会翻番。尽管全球糖尿病患者越来越多，但人们对引发这一疾病的根本原因知之甚少，防治这一疾病因此障碍重重。（生物通雪花）

## [Nature:糖尿病靶标鉴定的新发现](#)

来自多伦多综合医院研究所的研究人员发现肠道、大脑和肝脏三个器官之间的一种新的信号途径。

由 Tony Lam 博士领导的研究队伍利用大鼠模型发现，脂肪能够激活肠道中的一个神经亚单元，然后给大脑发送一个信号并继而通知肝脏降低葡萄糖或糖的生产。但是，仅吃高脂肪的食物三天的时间京九能够干扰这个信号，并抑制其功能，从而使它不能向其他器官发送信号来降低血糖水平。这项研究的结果发表在新一期的《自然》杂志上。

Lam 博士指出，这是一种能够更高效地降低肥胖或糖尿病患者的葡萄糖或血糖水平的新方法。

目前，糖尿病患者通过饮食控制、运动、糖尿病药物或注射胰岛素来降低他们的血糖水平，并且需要按时检测血糖水平。高的葡萄糖水平能导致眼睛、神经和肾脏的损伤，并且增加心脏病、中风、失明、勃起功能障碍、足



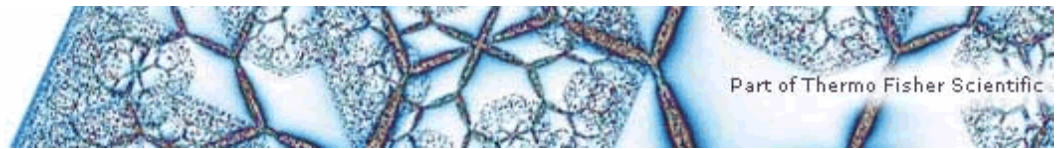
部问题和截肢。世界各地的许多研究室都在竞相寻找降低葡萄糖水平的更有效方法,因为这些严重的并发症都是由于高的糖水平所引发的。

号给大脑,进而将信号转给肝脏来降低葡萄糖的生产。如果新的药物能够刺激肠道中的这个传感机制,那么将可能有效地放缓身体的糖制造,从而降低糖尿病患者的血糖水平。

已经知道大脑和肝脏能够调节血糖水平,但问题在于如何在导致副作用的情况下治疗性地靶向这两个器官呢?新的研究通过揭示出肠道能够作为最初的靶标解决了而绕过了这个难题。如同遥控器一样,肠道能够传递信

Lam 博士强调说,还需要进行多年的实验研究才能确定出这种方法是否对人类糖尿病患者安全有效。相关专家评价说, Tony 的发现是一项振奋人心的大突破,最终将导致治疗糖尿病的新途径的诞生。

**Thermo**  
SCIENTIFIC



**关注健康与未来**

**—— 赛默飞世尔科技生命科学和药物开发技术巡回讲座**

繁忙的五月,生机蓬勃,在此春夏之交的时节,赛默飞世尔科技将在八个城市举办巡回讲座,主题为“关注健康与未来”,来自国内外的专家将把我们在生命科学和药物开发领域中最前沿的技术和研究进展介绍给大家。这八个城市将包括北京、青岛、西安、成都、广州、武汉、上海和杭州。我们期待着您的参与,和我们一起分享生命科学和药物开发领域的最新技术和成果!



本次巡回讲座内容主要集中在:

- 生命科学研究新技术和应用
- 药物开发前沿技术和应用
- 实验室信息管理系统(LIMS)

作为全球科学服务领域的领导者,赛默飞世尔科技(原热电公司)致力于帮助客户使世界更健康、更清洁、更安全。我们为多种行业和研究领域提供完整的解决方案。

**日期和地点如下:**

时间	5月5日 星期一	5月6日 星期二	5月8日 星期四	5月9日 星期五
地点	北京	青岛	西安	成都
时间	5月12日 星期一	5月13日 星期二	5月15日 星期四	5月16日 星期五
地点	广州	武汉	上海	杭州

赛默飞世尔科技·生命科学部

北京

电话: 010-80499033

传真: 010-80499533

上海

电话: 021-64718556

传真: 021-52300936

全国免费技术咨询电话: 800 810 0242

**Thermo**  
SCIENTIFIC



# 宿兵研究组 microRNA 研究又发新文章

生物通报道：microRNA 的研究是近年来生物学领域的一个大热点。来自中科院昆明动物所的宿兵研究员在灵长类动物 microRNA 研究方面取得了多项新发现。2007 年，宿兵研究小组在对灵长类代表物种进行研究时，发现了一个快速进化的 microRNA 家族，其结果发表《Genome Research》上。最近，该研究组在在 4 月 15 日的分子进化领域国际知名刊物《Molecular Biology and Evolution》上有发表有关灵长类 microRNA 家族的最新研究发现。

宿兵研究员的实验室(博士研究生张锐)最近通过对灵长类代表物种的研究，发现了一个由 Alu 介导产生并快速复制的 microRNA 家族。这个家族位于人类 19 号染色体上，在胎盘和胎儿大脑中优势表达。在灵长类的进化过程中，这个家族在 Alu 的介导下，不断通过基因重复产生新的拷贝，且拷贝数在灵长类物种间存在很大差异(8—85 个拷贝)。

序列比较表明，物种内和物种间 microRNA 的序列分歧相似；同时，在各个灵长类分支中均存在基因拷贝的获得和丢失，也存在基因的假基因化。由此表明，这个 microRNA 家族在灵长类中经历了典型的“生—死”(Birth and Death)进化历程。它暗示这个家族的 microRNA 基因在灵长类的进化中其功能可能发生了多样化，以适应不同灵长类物种在发育过程中的需要。

microRNA 是近年发现的在基因组中广泛存在的一类小的、非蛋白编码基因。它通过与 mRNA 中特定的互补位点结合来调节蛋白编码基因的表达和翻译，从而参与发育的精细调控等一系列重要的生命过程。另外，在灵长类基因组中存在一类中等重复序列—Alu。它是灵长类特有的重复序列，对灵长类基因组的演化具有深远的影响。这一研究结果将为科研人员更好地了解 Alu 对灵长类基因组进化

的影响以及非蛋白编码基因的进化模式提供崭新的视角。

另外，在今年 1 月，宿兵研究员领导的比较基因组学实验室通过对中国人群的研究，发现了一个同脑容量差异相关的单核苷酸序列变异(简称 SNP)。这项研究的结果发表在《Human Molecular Genetics》杂志上，文章的第一作者是宿兵研究员指导的博士研究生王金凯。

这个 SNP 存在于一个同大脑发育相关的基因—MCPH1 中，是一个缬氨酸到丙氨酸的突变。这个 SNP 在人群中的等位基因频率约为 36%。研究还发现，丙氨酸等位基因纯合个体的脑容量明显高于祖先型缬氨酸等位基因的纯合个体。进一步的分子进化分析表明，这个 SNP 并没有受到明显的正向选择作用。因此，人群中脑容量的差异可能是一个中性或受到较弱选择的表型。

在人类的起源中，大脑容量的增加和认知能力的提高是我们区别于非人灵长类的重要生物学特征。现代人的脑容量是我们的近亲—黑猩猩的三倍以上。增大的容量使得人类大脑具有更多的神经细胞和更复杂的神经网络。饶有兴趣的是，在人群中大脑容量也存在个体差异(1200—1600 毫升)。前人的研究表明，人

类脑容量的大小是受遗传影响的,并且同短时记忆等认知能力相关。然而,哪些基因对人群脑容量的差异有贡献并不知道。

这项研究是目前发现的第一个同人群脑容量差异相关的序列变异,将有助于阐明人类大脑演化以及人类中枢神经系统疾病的遗传学机制。(生物通雪花)

### 宿兵研究员简介

宿兵,中国科学院知识创新工程比较基因组学学科带头人;中科院“百人计划”引进人才,理学博士,研究员,博士生导师;中科院

昆明动物研究所细胞与分子进化重点实验室主任;美国辛辛那提大学助理教授;复旦大学生命科学院客座教授;从事灵长类比较基因组学及现代人类起源和迁徙的研究。已在

《Science》、《Nature Reviews Genetics》、《PNAS》、《American Journal of Human Genetics》、《Human Molecular Genetics》和《Molecular Biology and Evolution》等国际核心刊物上发表论文 40 余篇。曾获中国科学院自然科学奖一等奖(1996);云南省自然科学一等奖(2002) 和教育部科技进步一等奖(2003)。



活动时间: 2008年4月1日-2008年6月30日

## HIS-Select™ 蛋白纯化产品

### HIS-Select™高载量镍亲和凝胶

Sigma的HIS-Select™技术采用独特的无电荷亲水连接化学方法,将高纯度四配基整合剂连接琼脂糖基质,极大地降低了与非特异性蛋白的结合,一步洗脱完成纯化实验。

- 高载量: ≥20mg/ml
- 高特异性: 无电荷亲水连接,最大程度降低非特异性结合,需更少咪唑(0-10mM)
- 简单省时: 洗涤后直接洗脱目的蛋白,无需梯度洗脱,让您节省更多时间

4折惊喜价促销

## HIS-Select® iLAP™

您想在短时间内获得His重组蛋白吗?

您想快速筛选到His重组蛋白高表达菌株吗?

HIS-Select® iLAP 一步纯化产品,帮您实现简单实验的梦想!

- 不需离心收获细胞,直接使用细菌培养物纯化
- 高结合力,高特异性
- 细菌裂解和His蛋白结合纯化一步完成
- 快速纯化少量蛋白和表达菌株筛选的最佳选择

新品75折推广中!

## EZview™ 红色凝胶新品

Sigma向您推荐专业R&D科学家团队创新研究成果——EZview™红色凝胶。通过偶联惰性染料到琼脂糖介质上,提高凝胶可见性,使小规模亲和和捕获实验(如免疫沉淀, pull-down等)操作更加方便。

- 可见性高 独特红色凝胶,较标准无色产品更易辨别
- 安全性强 减少沉淀丢失的危险
- 重复性好 提高实验可重复性
- 适用性广 适用于多种亲和捕获技术



IP、pull down沉淀难以看清?  
微量沉淀不小心被吸走??

新品75折推广中!

活动时间: 2008年4月1日-2008年6月30日

登陆[sigma.com/proteomics/](http://sigma.com/proteomics/), 获取更多蛋白表达及蛋白组学产品信息...

# 上海交大：人参降血糖机制又突破



生物通综合报道：糖尿病在我国古代中医被称为“消渴病”，中医对于消渴病的记载最早见于两千多年前的《黄帝内经》。人参是传统名贵药材，也是现代人用来滋补元气、保健强身的重要滋补佳品。人参皂苷是人参的主要有效成分。到目前为止，已经从人参中至少分离提取了 40 多种人参皂苷单体。人参作为治疗糖尿病的重要中药不仅在中医药典籍中早有记载，而且多项现代研究也证明人参及其有效成分人参皂苷具有改善糖尿病症状的作用。

来自新华网的消息，上海交通大学附属瑞金医院内分泌代谢病临床医学中心的研究人员日前发现人参皂苷 **Re** 是降低血糖的主要成分，并从机理上阐明了人参皂苷 **Re** 的降血糖作用机制。这一成果发表在《分子内分泌学》（*Molecular Endocrinology*）杂志上。

上海交通大学医学院内分泌代谢病临床医学中心研究人员发现，人参中的人参皂苷 **Re** 是降低血糖的主要成分，而人参皂苷 **Re** 之所以可以降低血糖，是由于它能增强胰岛素的作用，起到“类胰岛素”作用。

人参用来治疗糖尿病虽然有许多益处，但并非百无禁忌。著名内分泌专家、上海交通大学附属瑞金医院副院长宁光教授认为，人参皂苷 **Re** 虽然可以降低血糖，但滥用人参治疗糖尿病甚至可能吃出病来。人参性温，适用于寒症，如血压偏高的病人不应轻易服用；人参有抗利尿作用，肾功能不全或者有浮肿的病人不宜使用；感冒发热时一般不宜服用人参等。另外，人参中的红参等在炮制过程会加入糖进行处理，糖尿病病人也不宜多服用。临床上用人参来治疗糖尿病时，应该根据实际情况谨慎选用，并且应在专业医师指导下，根据个人不同病情选择最佳的治疗方法。

研究人员还发现人参的另一成分皂苷

**Rb1** 有类似胰岛素增敏剂的作用，从而也具有降低血糖功能。

另外，近期国外的研究人员在 II 型糖尿病（最常见的糖尿病类型）的血糖控制的基因研究上取得了重大进展。

由 Helmholtz Zentrum Muenchen 的研究人员参与的这个国际研究项目证实了这种疾病至少部分是由于产胰岛素细胞的错误调节。

新公布的这项大型分析研究由来自 40 多个研究中心的 90 名科学家参与，研究组对 15 项欧洲和美国研究计划所得数据进行了评估。这项研究鉴定出了 6 个新基因在 II 型糖尿病形成过程中起到一定作用。自从，与这种病相关的基因增加到了 16 个。

II 型糖尿病的特征是血糖水平的长时间升高，如果不加治疗会导致血管、肾脏和其它重要器官的损伤。生活方式因素（如其中超标和缺乏锻炼）在这种疾病的发生过程中起到重要作用。而且，遗传因素在这种疾病中也扮演重要角色。最新获得的信息则使研究人员对负责控制血液中血糖水平的机制有了新了解。

这项大型分析包括了超过 70000 参与者的研究。研究人员说，这 6 种此前未知的基因中的任何一种都会略微增加人们罹患糖尿

病的风险，而不幸拥有全部 6 种基因的人罹患糖尿病的几率比一般人高 2 倍到 3 倍。

研究项目负责人之一、英国牛津大学的马克·麦卡锡说，此前在糖尿病研究人员的“雷达

屏”上从未出现这 6 种基因中的任何一种，发现它们将可能为了解糖尿病的形成过程提供新线索，为开发防治这种慢性疾病的新方法带来机会。（生物通）

GE Healthcare

# 为您提供全套的电泳、转印试剂和仪器

- 电泳设备和试剂
- 印记设备和转印膜
- 化学发光试剂和二抗
- 暗盒和底片

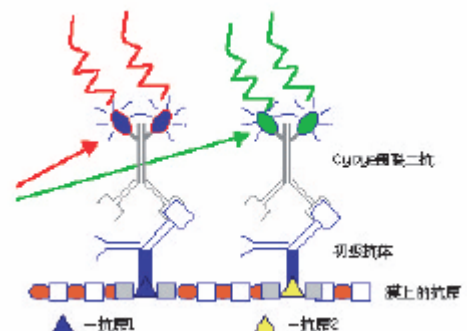
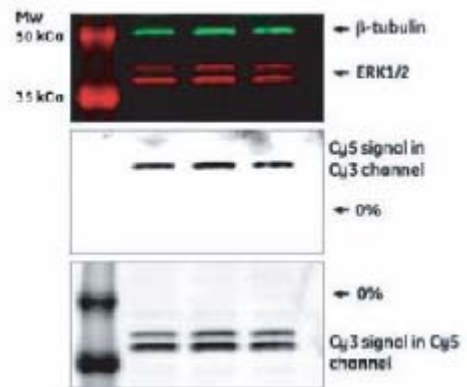
## 强大的ECL家族

### ECL Plex蛋白质印迹荧光多重检测系统

- 可以在复杂的样品中检测非常低丰度的蛋白质
- 精确检测蛋白水平的差异变化
- 同时检测两个抗原：
  - 节省时间(费用)
  - 更加精确的比较
  - 无需剥离再杂交
- 可靠的结果，更少的假阳性
- 低背景噪音，改进了灵敏度

ECL蛋白印迹——  
请选用真正唯一的Amersham ECL

- 17年来最为广泛应用和文献引用的蛋白印迹标准产品，引用文献超过3000篇



## 通用电气(中国)医疗集团

网址: <http://www.gelifesciences.com.cn>

<http://www.gelifesciences.com/ecl>

电邮: [lifesciences@ge.com](mailto:lifesciences@ge.com)

免费咨询热线: 800-810-9118

通用电气(中国)医疗集团有权在任何时候，在不另行通知的情况下，不负有任何义务地改变上述规格和性能，并有权终止该产品的供应，如需要最新信息请与通用电气(中国)医疗集团在国内的销售代表联系。



# 陈大华发表干细胞最新研究成果

生物通报道：来自中科院动物所的消息，在 2008 年 4 月 15 日的《Developmental Cell》杂志上刊登了中科院动物所陈大华研究员有关干细胞命运调控的最新研究论文。

该文章的题目为

“Otefin, a nuclear membrane protein, determines the fate of germline stem cells in *Drosophila* via interaction with Smads complexes”。研究工作得到了科技部“生殖发育重大研究计划”、973 项目和国家基金委重点项目以及中国科学院“百人计划”的资助。

成体干细胞是生物体内少数处于无限增殖,未分化或低分化状态并具有多种或一种分化潜能的细胞群。干细胞的独特能力表现在于,通过不对称分裂产生具有相反命运的两个子代细胞,一个是通过自我更新,重新产生维持干细胞特性的新干细胞;而另一个子细胞则步入分化程序,进而形成新的组织,或替代生物体中损伤或丢失的组织和器官以维持生命活动的延续。干细胞不对称分裂机制的研究是干细胞理论研究前沿中核心的课题。

核膜蛋白在染色质组织、基因调控、信号转导等方面起着非常重要的作用。然而至今这类蛋白的生理功能仍未阐明。

陈大华研究组以果蝇为模型,发现了一个核膜蛋白 Otefin (ote) 在维持果蝇生殖干细胞(GSC)自我更新过程中起关键调控作用。

通过遗传学方法,研究组证明 Ote 是作为内源因子来调节 GSC 命运的因子。进一步机制研究表明, Ote 蛋白通过调控 BMP/Dpp 信号途径,进而关闭控制干细胞分化的关键 bam 基因的的转录表达来实现干细胞的自我

更新。

通过结构与功能的关系分析,研究组还发现 Ote 蛋白作用位点为干细胞的核内膜,并由此推测 Ote 蛋白可能与 BMP/Dpp 信号途径的核内组分相互作用完成其功能。

通过生物化学方法,研究者发现 Ote 能够与 Smad4/Medea 直接发生相互作用,从而结合到 bam 沉默子上来调节 GSC 的命运。

研究人员指出,该工作的意义在于证明了核膜蛋白参与干细胞的命运调控,并可能推广到哺乳动物。该研究为核膜蛋白如何参与 TGF $\beta$ /BMP-介导的“基因沉默”提供初步的机制性解释。另外,这项新研究还可能为解析人类的核膜蛋白的编码基因缺失相关疾病的发病机制提供一定线索。

陈大华,男,研究员,博士生导师。1970 年 3 月出生于安徽省,1991 年毕业于安徽农业大学,1996 年在北京农业大学获得硕士学位,1999 年 7 月在中国科学院植物研究所获得博士学位,1999-2000 年在美国肯塔基州立大学农学系从事博士后研究工作,2000 年以后在美国德克萨斯大学西南医学中心分子医学系做博士后研究和讲师。2005 年,他入选中国科学院动物研究所“百人计划”,并在生物膜与膜生物工程国家重点实验室利用分子生物学、生物化学、进化生物学和遗传学手段,开展干细胞不对称分裂的遗传和分子机制等

下接 P16 页

# 中科院高光侠《PNAS》 再发蛋白研究重要进展

生物通报道：2006年年底，中科院生物物理所高光侠课题组曾在《PNAS》杂志发表了有关锌指抗病毒蛋白研究的重要发现。现在，该课题组再次在《PNAS》上发表了这项研究的最新进展。

2008年3月，高光侠课题组再次于美国《国家科学院院刊》(PNAS)发表文章题为：“ZAP的抗病毒功能依赖于RNA解旋酶p72”。

已经知道，宿主在与病毒长期共存的过程中进化出多种抗病毒机制，包括表达宿主限制性因子抑制病毒的复制。锌指抗病毒蛋白(Zinc-finger Antiviral Protein, ZAP)是一种重要的抗病毒因子，ZAP能通过降解特异病毒RNA进而抑制包括鼠白血病病毒在内的多种病毒的复制。

文章中作者发现，ZAP功能的正常发挥有赖于RNA解旋酶p72。ZAP与p72之间存在不依赖RNA的直接相互作用；过量表达p72能够促进ZAP的功能；通过RNAi的方法抑制内源表达的p72或者过量表达p72的C端，ZAP降解RNA的活性则受到抑制。进一步研究发现，p72存在于ZAP与核酸外切酶复合体形成的大的复合体之中。ZAP抗病毒机制的研究不仅可能为病毒的防治提供新的策略和技术手段，也将有助于我们更深入地了解RNA稳定性的调控机理。

锌指结构抗病毒蛋白ZAP是一种宿主抗病毒因子，由高光侠等人命名。在之前的研究中，高博士等人建立了一种能够高效分离对病毒感染有抗性的细胞的方法，首次直接证明了宿主细胞的一些功能在病毒复制前期起着重要的调控作用。然后通过细胞内过量表达

cDNA文库的方法来改变细胞的表型，再筛选那些对病毒感染有抗性的细胞。经过两年多的探索，他们在一个小规模筛选中，从50万个表达cDNA文库的细胞中成功地克隆了一个具有抗病毒活性的cDNA。

进一步的分析表明在表达这一cDNA的细胞中，病毒RNA可以被正常逆转录为DNA，随后病毒DNA可以正常整合到宿主染色体上并转录为RNA。但是在细胞质中，转录出的病毒RNA却被特异性地降解。同时序列分析表明这一克隆的基因是一个新基因，编码一个含有776个氨基酸的蛋白，蛋白的N端含有四个CCCH锌指结构，C端没有任何已知的功能域。因此高博士等人将该基因命名为“锌指结构抗病毒蛋白”。

在2006年底发表《PNAS》文章中，高博士等人发现了ZAP降解靶标RNA的具体途径，并提出了证明。Exosome(外切酶体)是一种包含了至少10种必要组分的蛋白复合物，它在真核细胞RNA加工和mRNA 3'→5'方向降解过程中都起重要的作用。研究人员发现在蔗糖或者甘油梯度离心过程中，ZAP和Exosome会共移(comigrate)，而且ZAP的免疫共沉实验也表明exosome会与ZAP共沉，体外pull-down分析也说明ZAP与hRrp46p exosome直接作用，并且研究人员也发现ZAP的绑定位点是224-254氨基酸。这些研究都说明ZAP是一种调控mRNA稳定性的反式作用因子。(生物通雪花)



高光侠 简历:

1988年毕业于北京大学生物系生物化学专业, 获理学士学位;

1995年毕业于美国哥伦比亚大学生化系, 获博士学位;

1995-1999:美国哥伦比亚大学生化系,

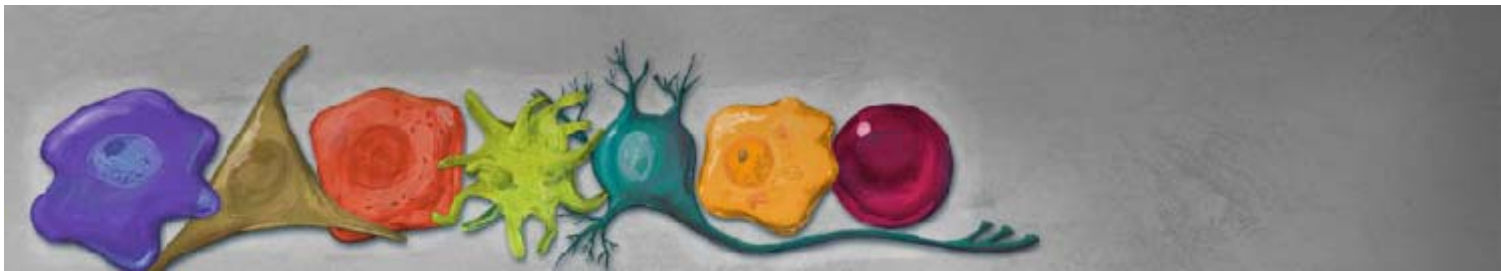
Howard Hughes Medical Institute 博士后;

1999-2001: 美国哥伦比亚大学生化系, Associate Research Scientist;

2001至今: 中国科学院“百人计划”研究员, 2002年获“国家杰出青年”基金支持。

上接 P14 页

方面的研究工作, 深入探索干细胞在未来医学上再生和癌症治疗上的奥秘。(生物通雪花)



**R&D SYSTEMS**  
安迪生物

免疫磁珠  
**负**选法

点击进入 >>

**新产品促销**

免疫磁珠  
**负**选法  
费用太高?

点击进入

**R&D SYSTEMS**  
安迪生物

PlusCollect™  
**正**选法  
来帮忙!

点击进入 >

**新产品促销**

PlusCollect™  
**正**选法  
来帮忙!  
更省钱? **YES**

点击进入 >>

## 新产品促销

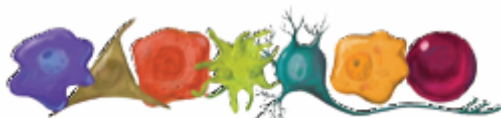
>PlusCollect™系列产品在中国地区目录价 7.5 折!

- 免疫磁珠负选法: 纯度太低? 费用太高?
- R&D的PlusCollect™正选法来帮忙!
- 更精准? YES
- 更省钱? YES



促销截止: 2008年06月30日

详情请咨询当地经销商





# 中科院袁志明等 基因组测序研究获新进展

生物通报道：近日，中国科学院武汉病毒研究所袁志明研究员率领的研究小组完成了我国第一个杀蚊微生物基因组——球形芽孢杆菌 C3-41 菌株全基因组的测序工作。通过序列的比较分析，表明该细菌同一种海洋芽孢杆菌具有亲缘关系，其不能利用糖类物质的主要原因是缺乏糖转运系统和糖代谢的关键酶。

该研究成果在最近的《细菌学杂志》和《应用微生物学杂志》上发表。球形芽孢杆菌是专一感染各类蚊幼虫的天然病原菌，C3-41 菌株是中国科学院武汉病毒研究所筛选出来的优良杀蚊细菌，由其开发研制的我国第一个登记注册的微生物杀蚊剂在我国进行了连续二十年成功应用，该基因组的完成将进一步推动生物防治灭蚊的基础研究。

袁志明研究员率领的研究小组，长期从事杀虫细菌的基础和应用基础研究。在杀虫细菌资源、毒素蛋白基因的克隆和表达及高效广谱杀蚊工程菌的构建、抗性昆虫抗性机理、杀虫剂的生产 and 应用等方面取得了一系列重要科研成果。

所研制的球形芽孢杆菌杀蚊幼剂制剂对疾病媒介库蚊、按蚊具有特异性毒杀作用，对人畜禽、水生生物无毒、不污染环境，是目前我国用于蚊幼虫孳生地控制的一种安全高效的生物杀蚊制剂。从 1987 年至 2006 年，在全国 13 个省市、一百多个县市累计应用超过 150 万亩次，20 年累计生产一千五百余吨，创造产值过千万，创利税六百多万，直接经济效益超过三千万元，具有巨大的社会效益和生态效益。

球形芽孢杆菌具有独特的生物学特性(特殊的芽孢胞外膜结构)、遗传特性(嗜嗜热细菌

的近缘关系)、发酵特性(不能代谢糖类物质)，其全基因组序列测定的完成将进一步阐明球形芽孢杆菌不能利用糖类物质代谢的遗传基础及其独特的产能代谢的调控机理，昆虫病原细菌-宿主的协同进化及同其它芽孢杆菌之间的亲缘关系提供理论依据。同时，为构建利用糖类物质的杀蚊工程菌株的构建提供新的提供新的思路，以推动杀蚊细菌在我国媒介蚊虫综合控制中的应用。

袁志明，男，1963 年 7 月出生，湖北省浠水人，博士，研究员，中共党员。1984 年 7 月毕业于湖北大学生物系，随后分别在云南大学生物系和中山大学生命科学院获硕士学位和博士学位。1995-1996，1999-2000 分别在法国 CIRAD、巴斯德研究所、丹麦皇家农业和畜牧大学从事合作研究，现任中科院武汉病毒所党委书记，武汉病毒所学术委员会副主任，湖北微生物学会常务理事，湖北生物工程学会副理事长，美国蚊虫防治学会会员。获 2000 年“武汉市科技创新杰出青年”称号。

袁志明长期从事苏云金杆菌和球形芽孢杆菌基础和应用基础研究，在杀虫细菌资源、毒素蛋白生物化学、毒素蛋白基因的克隆和表达及高效广谱杀蚊工程菌的构建、抗性昆虫抗性机理、杀虫剂的生产 and 应用等方面进行了深入研究，取得了具有国际领先水平的研究成

果。同时十多年累积生产和应用杀蚊剂 1000 吨，产值 600 万，利税 200 万以上。发表研

究论文 50 篇（SCI 收录 8 篇），合作编纂论著中、英文专著各 1 部。（生物通雪花）

**BIO-RAD**

## 新一代PCR仪器 全新登场



**2008年Bio-Rad正式发布新一代1000系列高性能PCR仪器——C1000和S1000。**

C1000和S1000整合了原有产品系列的优势特点，比原来的产品更快，性能更优越。如，保留了原来iCycler的超大显示屏和DNA Engine系列的可调式热盖和模块化设计；另外，C1000和S-1000使用最新的USB存储技术和程序自动编写器，用户只需要输入基本的参数和期望的扩增速度，就能自动生成PCR的程序。

C-1000和S-1000能够实现“快速PCR”功能，不仅从运行时间本身，并且从程序的设计、即插即用等方面缩短用户的时间，提供实验结果的可重复性和效率。

**C1000和S1000 PCR仪具有以下突出的特点：**

- 市场上最容易更换模块的PCR 仪器；
- 唯一一款带有独立控制双加热模块的PCR 仪器；
- 唯一一款带有温度梯度功能的双加热模块PCR仪器
- 快速运行，升降温速度快，设定时间短
- 唯一一款带有全自动程序编写功能的仪器
- 创新的热盖设计，适用的反应管范围最广，支持低体积的PCR反应
- 唯一一款能通过USB 闪存传输扩增程序和登录文件的仪器
- 唯一一款能通过电脑编写扩增程序的仪器
- 最个性化的平台，能适配用户不同的反应耗材和检测通量需求，包括定量检测

欲了解更多详情，请浏览[www.bio-rad.com](http://www.bio-rad.com)，或联系Bio-rad 各办事处或当地代理商

**伯乐生命医学产品（上海）有限公司**

上海办公室，电话：021-64260808

北京办公室，电话：010-82675748

公司名	联系电话	区域
北京元业伯乐科技发展有限公司	010-51668468	北京市，天津市，河北省，山西省，甘肃省，河南省，青海省，山东省，辽宁省，吉林省，陕西省，黑龙江省，宁夏和内蒙古
成都百乐科技有限公司	028-85298430	云南省，贵州省，四川省，西藏和重庆市
南京润亚生物科技发展有限公司	025-85011161	江苏，安徽
杭州宝诚生物技术有限公司	0571-87242047	江西，浙江
乌鲁木齐齐祥生仪器有限公司	0991-5862527	新疆
厦门市世德行实业有限公司	0592-5313557	福建
上海宝赛生物科技有限公司	021-64518230	上海市部分区域
上海富众医学科技有限公司	021-33580391	上海市部分区域
广州市昊洋贸易有限公司	020-37663997	广东，广西
海南新卫医药有限公司	0898-66288460	海南
广州三元科技有限公司武汉办事处	027-88062461	湖南，湖北



# “千人基因组”成 08 诺贝尔奖热门

生物通报道：一年一度的诺贝尔奖是科学界影响力最大的科学奖项，而诺贝尔生理/医学奖则是生命科学领域最为关注的一个奖项。那么，2008 年诺贝尔奖会花落谁家呢？据近日千龙网的一篇报道说，最近，两位绿色胜肽的研究发现专家和“千人基因组计划”的三位基因研究专家被认为是今年诺贝尔医学奖的最有力竞争人选。

“千人基因组计划”的三位中国、英国和美国的基因研究专家也被认为是今年诺贝尔医学奖的有力竞争人选，这一计划将测定选自全世界 1000 个人类个体的全基因组 DNA 序列，绘制具有有医学应用价值的人类基因组遗传多态性图谱。

## 千人基因组计划

由中国、英国和美国的科学家组成的“国际协作组”，1 月 22 日在深圳、伦敦和华盛顿同时宣布：国际“千人基因组计划”正式启动。这一宏伟计划将测定选自全世界各地的至少一千个人类个体的全基因组 DNA 序列，绘制迄今为止最详尽的、最有医学应用价值的人类基因组遗传多态性图谱。这一国际合作计划的主要发起者和承担者包括英国的 Sanger 研究所，中国的深圳华大基因研究院

(BGIShenzhen)，以及美国的国立卫生研究院 (NIH) 下属的美国人类基因组研究所 (NHGRI)。

所谓千人基因组计划并不只测序 1000 个人的基因组，而是要测序 1000 个人以上的基因组。首先是对其个人基因组图谱进行测序，对整个基因组情况有所了解，然后进行数量较多的个人基因组的比较分析。千人基因组计划的第一阶段将耗时约一年，进行 3 项先导实验项目，这些项目的结果将用于决定如何高效且低成本地绘制这张人类遗传差异图谱。

第一项先导实验项目将包括两个核心家庭（双亲与一个成年子女）的全基因组深度测序，每个基因组的平均测序深度为 20 倍，即反复测定 20 次。这 6 个个体所产生的全面详尽的数据集，有助于确定这一计划如何使用新的测序平台识别遗传变异。这既是个人基因组图谱方法上的一种探索，也将作为整个计划中其他项目进行比较的基础。

第二项先导实验项目将对 180 个个体进行浅度测序，每个基因组的平均深度为两倍。这将用于测试新测序技术的浅度测序数据用于检测和定位序列变异的能力。

第三项先导实验项目将测定 1000 个人的 1000 个编码区域（也叫外显子）的序列，其目的是探索如何更好地得到约占基因组 2% 的蛋白质编码基因的更详细的图谱。

目前的人类遗传变异数据，如人类基因组单体型图 (HapMap)，已被证实对人类遗传研究很有价值。运用单体型图和相关数据，科学家已经发现了 100 多个与人类常见疾病相关的基因组区域。这些常见疾病包括糖尿病、冠心病、前列腺及乳腺癌、风湿性关节炎、肠炎，以及与年龄相关的黄斑退变等。

通过多个学科专家组成的研究团队的共同努力，“千人基因组计划”将绘制一张与生物医学相关的人类遗传多态性的崭新图谱，其分

辨率之高乃现有技术远不能及。与国际“人类基因组计划”和其他重要计划一样，“千人基因组计划”产生的数据和研究成果将迅速通过公共数据库发布，供全球科学家免费共享。

“千人基因组计划”不仅将加速人们对常见疾病易感性相关的变异的发现，还将加深人们对自身基因组结构变异的认识，同时也开启了医学和生物学中其他新的重大发现的探索之门。“千人基因组计划”的第一阶段，将耗时约一年，进行三项先遣实验项目。这些项目的结果将用于决定如何最高效且低成本地绘制这张人类遗传差异图谱。

### 测序的对象

“千人基因组计划”将测序的人群包括：尼日利亚伊巴丹区域的 Yoruba 人；居住于东京的日本人；居住于北京的中国人；美国犹他州的北欧和西欧人后裔；肯尼亚 Webuye 的 Luhya 人和 Kinyawa 的 Maasai 人；意大利的 Toscani 居民；居住于休斯顿的 Gujarati 印第安人；居住于丹佛的中国人；居住于洛杉矶的墨西哥人后裔；居住于美国西南部的非洲人后裔。

### 中国的贡献

华大基因之前还与国家有关机构共同参与了国际“人类基因组计划”和“人类单体型图计划”。在共同发起和参与国际“千人基因组计划”的同时，深圳华大基因研究院还在中国国内启动了“炎黄计划”，在更大的范围研究中国人群的遗传变异，绘制高分辨率的中国人遗传变异图谱。日前已完成并发布了第一个中国人的高质量基因组图谱--“炎黄一号”，近时已经启动了第二阶段的“炎黄 99”计划，将对 99 个中国人个体进行基因组测序及多态性比较。深圳华大基因研究院参与“千人基因组计划”所

完成的中国人样品的测序将作为“炎黄计划”的一部分。

中国由 9 年前参与人类基因组计划并承担其中的 1% 工作，到今天参与发起千人基因组计划并承担其中的黄种人部分，标志着中国基因组科学实现了由参与到引领的跨越发展。深圳华大基因研究院将是这一工作的主承担单位，其合作单位有生物信息系统国家工程研究中心，中国科学院北京基因组研究所。

“千人基因组计划”中的黄种人基因组研究，将使我国基因组科学和相关医学研究直接跨入与国际前沿完全接轨的世界先进行列，极大地促进我国药物基因组学的发展，对以国际接轨和跨越式发展为目标的国家重大新药创制重大专项具有积极的支撑和推动作用。该计划的研究成果必将对中国的医学科学发展和个体化医学实践产生深远的历史性影响；其先进的技术将迅速转化为中国临床医学实践服务的实用技术；科学和技术的双重突破必然催生新的产业发展。

深圳华大基因研究院从 2007 年 10 月公布“炎黄一号”完成，到 2008 年初宣布“全球第一个志愿者基因组测序启动”，发起并参与“国际千人基因组计划”，国内和国际的主要媒体都给与了大量的报道。特别是英国《自然》杂志两篇相关的跟踪专题报道，对深圳和华大、对中国的基因组科学发展给与了高度的正面评价，也引发了国际主要媒体的广泛关注。这在中国生命科学史上还是第一次。深圳市人民政府对这一工作高度重视，全力支持，开创了地方政府主动承担国家重大战略性基础研究的先河，这在中国科技史上也是第一次。

（生物通雪花）

当您辛辛苦苦拿到丰富的数据信息时

您为海量数据迷惑苦于不知从何着手吗？

您面对众多的生物信息学分析软件却不知该如何选择应用吗？

-----

来这里吧，

华大基因将帮你探索生命的奥秘。

### 这里有良师：

由经历了1%人类基因组，水稻，家蚕和家鸡基因组分析的国际一流的生物信息专家为您讲解

### 这里有益友：

志同道合的学友在深具个性魅力的华大教师团队的带领下，形成浓厚的学习氛围，能给您提供良好的意见，开拓思路。

### 您将得到以下知识和技能充实自己：

1. 熟练掌握生物信息学种常用软件的下载、安装及使用；
2. 具备独立分析基因组数据的能力，如组装、基因预测、功能注释、重复序列分析、SNP分析、进化相关分析等。
3. 熟悉常用公共数据库的内容及特点，能够快速地进行检索查询以及数据下载。
4. 我们还可根据您实验室的具体问题提供相应的软硬件分析解决方案，建立起您自己的生物信息分析实验室。

### 培训班的优势：

- 1、从基本的生物学问题出发，结合具体实例，实实在在的分析数据。
- 2、灵活的“个性化”课程安排：当您因为出差、课时冲突等等各种原因无法参加某一课时，我们会为您保留资格，您可以在我们全年的课程中自由选择自己的合适时间以及喜好的特定课程参与。

### 招生对象：

任何想了解生物信息学的人。

### 课程时间安排：

每月的第一个星期开课，法定节假日包括在内的顺延到第二周开始。

### 培训费用：

5000元（含讲课费、上机费、资料费），在读学生八折，学费为4000元。

### 报名方式：

电话报名：010-80481550 孙海波 0755-25273794 丛丽娟

邮件报名：[train@genomics.org.cn](mailto:train@genomics.org.cn)

**热忱欢迎各位有识之士报名参加。名额有限，报名从速。**

# NIH 资助聚焦斑马鱼研究

生物通报道：美国 NIH 将会对希望启动斑马鱼研究计划的研究人员提供经费资助。这些斑马鱼研究计划将包括斑马鱼特定遗传筛选和研究新技术的研究。

这些 R01 基金将会每年为 5 年研究项目提供的资助预算不高于 50 万美元。这个资助计划其源于 Trans-NIH 斑马鱼统筹委员会研究所和中心启动的一项 NIH 研究计划。

研究将包括突变新筛选方法的开发和应用；鉴定新基因修饰因子和基因变异体的筛选方法；分析成熟显型的遗传基础如行为、衰老、器官疾病、癌症和其它；开发高通量小分子筛选方法。

第二个研究资助项目是寻找研发对斑马鱼研究领域至关重要的工具和技术的研究人员。NIH 表示，这些研究计划将会开发出能够革新发育、衰老、器官形成、神经过程、行为、感觉过程、生理过程和疾病过程中感兴趣的基因、途径和显型检测和分析的技术。

斑马鱼是发育学研究最常用的一种脊椎动物模型。值得一提的是，此前清华大学生物科学与技术系孟安明教授的课题组对特定基因在斑马鱼神经干细胞中的功能进行了深入研究，发现 *sp8* 基因和 *sp8-like* 基因有抑制初级神经元形成的作用，而且两个基因能够协同工作。

*Sp8* 属于锌指转录因子家族成员，它特异性的表达在中枢神经系统和肢芽。有文献报道斑马鱼的 *Sp8* 对于次级神经元中 *gata-2* 的不表达是必需的，暗示了 *sp8* 可能参与了次级神经元的分化。

研究中，课题组通过显微注射 *sp8* 和

*sp8-like* 的 morpholino 和 RNA，选择初级神经元的标记基因进行原位杂交，并发现降低体内 *sp8* 和 *sp8-like* 表达水平导致标记基因表达升高——这意味着初级神经元形成增多，而过量表达外源相应基因的胚胎结果相反，则说明 *sp8* 和 *sp8-like* 基因在体内有抑制初级神经元形成的作用，而且这两个基因的功能是协同的。

为了进一步证明上述结果，研究组选择了转基因斑马鱼 TG::huC(S)-GFP(M4-GM2)作为研究模型，其中 GFP 特异表达在背侧的初级 RB 神经元中。他们发现抑制 *sp8* 和 *sp8-like* 基因表达能够协同促进初级 RB 神经元的形成。

在这些结果基础上，研究人员推测 *sp8* 和 *sp8-like* 基因在体内的作用可能是抑制神经干细胞分化为初级神经元，维持其增殖的特性，并在特定的时期促进其分化为次级神经元。

为了证明以上假设，他们利用转基因鱼 TG::GATA2-GFP（其中 GFP 特异的表达在次级神经元中）发现减少体内的 *sp8* 和 *sp8-like* 基因的表达能够协同的减少次级神经元的形成。利用次级运动神经元特异性的抗体，通过免疫组化实验，研究人员重复了上述结果。

为了证明 *sp8* 和 *sp8-like* 基因在体内能够维持神经干细胞的增殖，研究组通过 BrdU

下接 P23 页





# 斯坦福发现胎盘起源首个线索

生物通报道：斯坦福大学医学院的研究人员首次发现了母亲与她的外出生胎儿之间的复杂生命线——胎盘的古老起源的首个线索。胎盘是为胎儿提供健康所需的氧气和营养物质的关键结构。

证据显示，人类和其它哺乳动物的胎盘都是又更为简单的组织进化而来，这种组织附着在卵壳内部并使我们的遥远祖先——鸟类和爬行动物的胚胎获得氧气。

研究人员表示，胎盘是一种惊人复杂的结构，并且是哺乳动物特有的，但是之前对它的进化起源却一无所知。由 **Julie Baker** 博士领导的这项研究的结果将发表在 5 月的《**Genome Research**》杂志上。

胎盘生长在目前的子宫中，并且充当母亲和胎儿之间气体和营养交换的一条通道。在婴儿出生时，胎盘被排出母体外。胎盘是唯一一个成年发育形成的器官，并且是具有确定“消除”期限的器官。

胎盘对母亲和胎儿的健康起到重要作用。近期的一些研究还暗示出，胎盘是阻止或容许分子传递到未出生婴儿的一个关键屏障，影响胎儿直至成年后的疾病风险。

胎盘似乎对胎儿健康和母体健康至关重要

要，但人们对胎盘如何进化以及如何功能知之甚少。为了研究胎盘的进化，**Baker** 和她的研究生首先确定出小鼠妊娠期间，胎盘细胞中有那些基因处于活跃状态。

他们发现，胎盘发育分两个不同的阶段。在第一阶段（妊娠开始到中期）中，胎盘细胞首先激活哺乳动物和鸟类以及爬行动物共有的基因。这意味着，胎盘通过利用早期哺乳动物从其它中间祖先继承来的基因启动进化，时间大概是 1.2 亿年前。

第二阶段，哺乳动物胎盘细胞切换表达一些新的物种特异性基因。小鼠激活了新进化的小鼠基因，而人类则活化了人类特有基因。

**Baker** 表示，这意味着每个动物都需要一套不同的基因。他指出，这些发现尤其引起注意的是，克隆小鼠在胎盘的基因转换发生后的死亡风险很高。这是一种巨大的调节变化。令人惊讶的是，尽管胎盘中发生了巨大的变化，但组织的外观并没有变化。（生物通雪花）

上接 P22 页

的免疫组化，发现注射 **morpholino** 的胚胎神经管中增殖的细胞数减少，进一步证明了上述假设。（生物通雪花）



## 博奥生物真情回馈新老用户 数据分析支持 + 签单送礼

时间：2008年2月15日—2008年6月30日

尊敬的客户，为了感谢您对博奥生物的一贯支持和信任，我们将在2008年2月15日至2008年6月30日进行“博奥生物真情回馈新老用户”活动，请登录生物通、生物谷网站填写[博奥生物微阵列服务客户回访登记表](#)。

### 活动细则：

活动期间，凡如实填写“博奥生物微阵列服务客户回访登记表”并提交成功的博奥生物新老用户，均可获得进一步微阵列数据分析支持，并且在再次签订3万元以上（含3万元）微阵列服务合同时免费获得10个荧光定量PCR验证反应。

请参加本活动的新老用户于2008年2月15日至2008年6月30日之间完成“博奥生物微阵列服务客户回访登记表”的填写提交，并在洽谈新的实验服务合同时提供相关信息方可享受优惠。



## 强力打造民族品牌 晶芯<sup>®</sup> 荧光定量PCR系列通用试剂盒

### 买一赠一 活动拉开序幕！

### 购买产品，就有机会获得4G 大容量U盘！

**买一赠一活动**

[产品介绍>>](#)

欢迎免费索取试用装

凡购买任一款晶芯系列qPCR试剂盒产品，均免费赠送购买数量的同规格产品

**U盘赠送活动**

[产品报价>>](#)

凡购买博奥试剂目录产品满2000元，即可获赠1G U盘，满5000元赠送4G U盘

赠送U盘活动时间为2007年8月1日-10月31日

买一赠一和U盘赠送用户仅可选择一种方式

本活动最终解释权归博奥生物所有

博奥生物是一个具有自主研发能力，并能够研制生产出兼具创新性和高性价比产品的公司。公司提供基因表达谱、比较基因组杂交（CGH）、甲基化、转录因子活性谱、启动子等芯片服务以及affymetrix表达谱芯片和单核苷酸多态性（SNP）检测服务等。

### 联系方式：

博奥生物有限公司

地址：北京市昌平区生命科学园路18号

邮编：102206

电话：010-80715888 80726868 免费电话：800-810-1927

传真：010-80726898

网址：<http://www.capitalbio.com>

# 新芯片技术揭示 干细胞 MicroRNA 模式

生物通报道：一项以新芯片为基础的方法正在被用于鉴定人类胚胎干细胞的特定 microRNA 模式。

包括来自 Scripps 研究所和美国圣地亚哥 Illumina 公司的研究人员组成的国际研究组利用一种类似 Illumina 的 DASL 基因表达分析方法比较了十多个干细胞系和几种其它细胞类型。研究的结果刊登在近日的《Stem Cell》杂志的网络版上。

文章的同学作者 Jeanne Loring 表示，他们公布了人类胚胎干细胞迄今最全面的 microRNA 表达分析结果以及 microRNA 的细节差异，而这种差异可能是调节干细胞多功能性的关键。

为了分析使人类胚胎干细胞具有这种多功能性的分子调节过程，Loring 和她的研究组集中研究了 microRNA。

当然这不是鉴定 miRNA 在干细胞中作用的首次研究。之前在小鼠中进行的研究显示，miRNA 可能促进干细胞自我更新和分化的能力。Loring 等人指出，2007 年的一项研究对老鼠干细胞中超过 30 万个 miRNA 克隆进行了测序研究。诞生，他们表示，之前研究使用的实验设计和研究工具使这些研究很难就干细胞中 miRNA 的表达给出准确结论。

miRNA 的独特生物学特性以及检测和定量这些小 RNA 的方法的局限性使研究人员很难了解它们在高等动物中的功能。

在这篇新论文中，研究人员使用了一种新的芯片方法，使他们迅速地检测了 26 个不同细胞类型中 miRNA 的含量和表达情况。这种

技术对 Illumina 的高通量基因表达分析、cDNA 介导的退火、筛选、延伸和 Ligation 分析进行了改良。

研究组利用 700 个与来自 2006 年 Sanger 数据库的 397 个已标注人类 miRNA 序列和 303 个在人类和黑猩猩大脑样本中发现的人类 miRNA 序列相对应的分析探针。

当他们比较人类胚胎干细胞和其它细胞类型的 miRNA 表达时，Loring 的研究组发现有 150 个 miRNA 在干细胞中的表达水平有所不同，并且聚集在染色体的某区域，其中 76 个的表达被上调，而 74 个在干细胞中被下调。

引人注意的是，几种与癌症有关的 miRNA 在干细胞中高度表达。另一方面，已知与癌症抑制有关的 miRNA 似乎在胚胎干细胞中相对较少见。

研究人员还根据 miRNA 在空间聚集和表达模式以及 miRNA 潜在靶标 mRNA 和靶标序列，对这些细胞系进行了分类。

研究人员表示，这些发现延伸了我们的知识，并且揭示出 miRNA 在调节细胞多功能性和自我更能方面的潜在作用。研究人员总结说，miRNA 分析能够用于分类不同细胞类型，并且人类胚胎干细胞拥有一种独特的 miRNA 标签。这些结果意味着有可能揭示出不同 miRNA 在干细胞维持和分化中的功能。

(生物通雪花)





生物通报道：自然—养料竞争对大多数人来说并不陌生，并且现代的结论通常预示两者之间的一种平衡。发表在本周的《PLoS Biology》杂志上的一篇文章显示，遗传到的基因和环境营养在决定酵母数千特征方面存在相似的平衡。

在研究个体基因组衰老时，了解基因和环境如何相互作用来根据可获得的信息作出合理的医学结论是至关重要的。例如，是否运动能够降低因遗传而增加的患某种疾病的风险。

基因/环境相互作用现象在之前已经有文献记载。环境影响基因表达的方式，因此基因在一种情况下开启而在其它环境中则可能下调或关闭。这项由普林斯顿大学的 Leonid Kruglyak 和 Erin Smith 领导的新研究能同时分析数千个基因表达的这种相互作用，以了解这些之前知之甚少的相互作用的普通特征。

在这项研究中，研究的生物事来自实验室和葡萄园的酵母菌，它们遗传上和生存环境上有差异，并且以来不同的能源——葡萄糖和乙醇。实验测量了遗传和环境差异如何相互作用来改变酵母细胞的基因表达。

许多基因的表达收到其它基因的控制。这篇论文显示，环境常常对那些调节基因影响大于那些被其它基因调节开启和关闭的基因。有趣的是，有时候在一种环境中正向影响其它基因的控制基因，可能在另外一种环境中具有相反的功能。

此前，来自纽约大学系统生物学研究院，基因组与系统生物学中心（Center for Genomics & Systems Biology），马里兰大学，范德比特大学（Vanderbilt University），华盛顿大学的研究

人员成功建立了一种古细菌

*Halobacterium Salinarum* NRC-1 调控模型，这种生物具有许多吸引人的环境适应性，通过这项研究证明了生物系统与其环境的基础性特征能快速构建全基因调控的高精度，预测性的基因调控模型，这不仅对于传统模式生物，而且对于其它目前尚不了解的生物来说都意义重大。这一研究成果《Cell》杂志封面上。

这种细菌生长在天然盐湖和盐田，或者是 NaCl 浓度比海洋高 5—7 倍的地方，研究人员发现这种生物为了适应高盐分环境，能产生了一系列令人惊讶的适应性变化，其中包括在细胞膜上产生色素，以调节由光产生能量的过程。此外，这些细菌还具有悬浮用的气泡结构，帮助它们在水中垂直移动来寻找氧载体。

尽管这些适应性变化每一个都很重要，但是环境因素造成的对细菌其它核心生理学过程（physiological processes）的整体调节，对其在动态变化的环境中生存更加关键。在实验中，研究人员通过分析数据，确定了在高盐度环境下，细菌 80% 的基因和关键的非生物因素之间调节和功能上的相互关系，并由此建立了模型。通过 147 个实验中 72 个转录因子和 9 个环境因子（EFs）的相对变化，该模型精确的预言了这些基因的动态转录反应。这些转录控制模型非常有意义，能精确预测 *Halobacterium* 面对新环境或基因扰动时的转录变化。

这项新研究的重要意义在于支持了一种观点:生物系统与其环境的基础性特征能帮助研究人员建立高精度、预测性的基因调控模

型,这不仅对于传统模式生物,而且对于其它目前尚不了解的生物来说都意义重大。(生物通雪花)



**与您携手,成就人类健康事业!**

**诚招代理**



## DNA 测序

起步于承担人类基因组计划和多项全基因组测序重大项目,诺赛基因的DNA测序平台是您的研究工作最可信赖的技术支撑和合作伙伴。世界一流的仪器设备与近十年对外测序服务经验的完美结合,辅助以标准化的流程和全程监控的质量保障和质量控制系统,诺赛基因的大规模、高通量、自动化的DNA测序平台致力于为国内和国外客户提供高质量、高性价比、高效的测序服务。

### 测序设备

采用多台世界先进的毛细管测序仪ABI 3730xl、Amersham MegaBace 4000 DNA 测序仪(近期将全部升级至4500型)、ABI 3700型测序仪和ABI 377型测序仪。诺赛基因是目前北京地区唯一一家同时使用多台ABI 3730xl测序仪承接对外DNA测序服务的公司,测序能力达到了每日六百万 PHRED20 碱基。



### 测序时间

常规测序业务,通常情况下36-48小时内实时发送测序结果,并提供网上下载。

### 服务质量

2004年公司的DNA测序平台通过了ISO9001质量体系认证,目前公司正在运行ISO/IEC 17025:2005标准检测实验室质量管理体系;

具有对“发卡结构”等困难模板高通量测序的服务能力;针对大片段(含基因组)测序,提供鸟枪法和亚克隆测序法两种测序方式;

借助成熟的LIMS系统,通过质量保障、质量控制部门和测序服务部门的紧密配合,对测序的流程进行全程质量监督,保障测序质量的稳定。

### 价格

针对不同客户的不同需求,量身定做不同的测序解决方案。

我们追求更高的品质,给您更优惠的价格。

### 联系方式

地址:北京经济技术开发区永昌北路3号707

邮编:100176

电话:010-67883332

传真:010-67873016

E-mail: [services@sinogenomax.com](mailto:services@sinogenomax.com)

网站: [www.sinogenomax.com](http://www.sinogenomax.com)

## Science:

# 装配心脏“发动机”的平滑肌蛋白

生物通报道：肌动蛋白是心肌的重要组成部分。宾州大学医学院的研究人员发现，一种平滑肌蛋白（Lmod）的分子能促进肌动蛋白的装配。更重要的是，Lmod 指导肌动蛋白装配成心脏脉动的单位。该研究结果发表在本周的《Science》上。

我们开展研究之初对 Lmod 了解极少”，第一作者、生理学教授 Roberto Dominguez 说，“这个蛋白看起来是存在于肌细胞中，但未能直接证实，而且也没人知道它的作用”。

第一作者、生理学副教授 Roberto Dominguez 博士说，当我们开始研究时，对 Lmod 的了解得极少。

Lmod 蛋白似乎存在于肌细胞，但没有人能直接证实这一点，而且也不知道它的作用是什么。Dominguez 表示，“我们将 Lmod 的氨基酸序列与 Tmod 蛋白的序列进行比较，因为已知在肌细胞中 Tmod 蛋白能结合到肌动蛋白丝上。结果发现，Lmod 有一部分序列与 Tmod 非常相似。但 Lmod 是一种比 Tmod 分子更大的蛋白，其独特的性质使得我们怀疑它能装配心肌的肌丝。我们研究发现确实如此。”

该研究结果解答了一个让心脏研究人员困惑已久的问题：到底是什么控制了心脏脉动单位的装配？肌动蛋白是动物细胞中含量最丰富的蛋白，可以形成长的多聚体或纤丝，进而组装成细胞骨架。在组成肌肉和心脏的细胞中，肌丝与马达蛋白的互动会产生收缩作用，将全身的血液泵回心脏中。

肌丝在试管中也会自发地形成多聚体，但活细胞用成核蛋白来调控肌丝形成的时间和地点。共同作者、耶鲁大学的教授

Thomas Pollard 说，长期以来，生理学家都想知道，在心肌细胞中到底哪个分子起到了成核蛋白的作用。令人高兴的是，经过这些年的研究，终于发现了 Lmod 起到成核蛋白的作用，在心肌细胞中触发肌丝的形成。

Lmod 也能指导肌丝形成肌节，也就是心脏中控制收缩的部分。用 RNA 沉默技术来敲除心肌细胞的 Lmod 基因之后，肌节就完全变得杂乱无章，再也无法引起肌肉收缩。

Lmod 在心脏中的正确定位是非常关键的，因为哪怕是含量增多一点点也会促进异常的肌动蛋白束在心肌细胞中形成——肌动蛋白本不应该在此出现的。一种称为细胞核内棒状体肌病（intranuclear rod myopathy）的疾病也呈现出类似的肌动蛋白束解体特征。虽然这个疾病是由骨骼肌特异肌动蛋白基因突变引起的，但这种相似性表明 Lmod 能导致同类的心肌细胞疾病。

目前，小组正在研究心脏怎样调节 Lmod 的水平以及 Lmod 如何与心肌疾病相关。此外，小组还尝试着对 Lmod 进行结晶，以直接研究它的结构。（生物通，揭鹰）

原始论文：

Chereau et al. Leiomodin Is an Actin Filament Nucleator in Muscle Cells. *Science* 320: 239–243





- 有没有一本手册将天然蛋白和重组蛋白的研究路线一并囊括？
- 有没有一本手册能将重组蛋白研究技术一网打尽？
- 有没有一本手册图文并茂，技术与产品信息全都齐备？



无论您是蛋白研究新手上路，还是这个领域的行家里手，手边有一本德国默克的 **《蛋白质组学研究工具——样品制备纯化与检测手册》** 那就太方便啦！

(有中英文两种版本供选择)

◆ 手册中众多产品 **四月三十日前有特别折扣**，快来看看我们的优惠产品列表：

- [天然蛋白样本制备](#)
- [重组蛋白样本制备](#)
- [其他配套产品](#)

## 还没有见过这本好书？

[赶紧申请吧！](#)

技术热线：400-820-8872，Email: [bioteam@merck-china.com](mailto:bioteam@merck-china.com)

**Merck Biosciences**  
Calbiochem | Novabiochem | Novagen

由德国MERCK授权 [生物通](#) 设计制作