

一、研究前沿：

癌症研究里程碑：首次揭示突变基因如何引发癌症

名校《自然》两篇文章：酶之舞

《PNAS》人类进化在加速！

《基因组研究》：调节DNA意外的多

最新文章发现miRNA与癌症新关联

华裔女博士《PNAS》发现治病基因新特征

冷泉港：大脑干细胞对空间辐射敏感

干细胞应用的两个技术难题被克服

癌症研究突破：首次发现癌蛋白新作用

华裔学者谢磊博士：新技术预测药物副作用

二、中国研究：

中国RNAi专家最新《细胞》文章

北大生科院教授最新《PNAS》文章

浙江大学权威杂志发表干细胞移植成果

哈医大实现高效培养神经干细胞

三、专题聚焦：

2007：干细胞奇迹之年

07 盘点：关键技术突破带来基因研究飞跃

2007 中国科学家突出成就

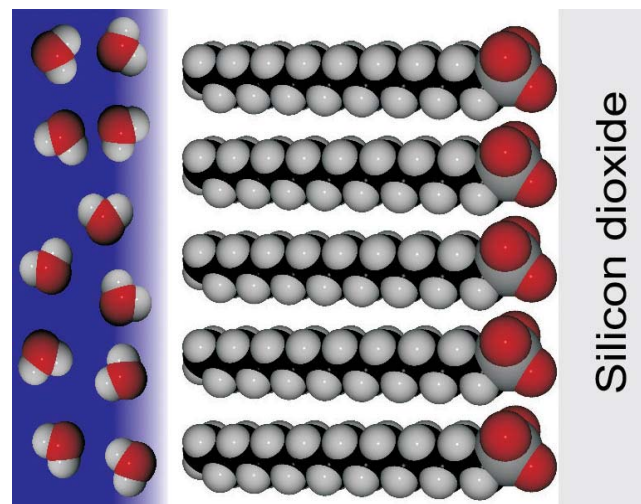
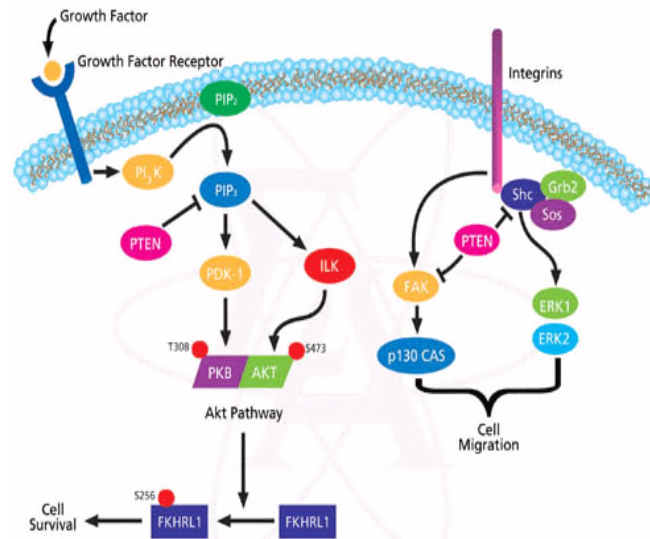
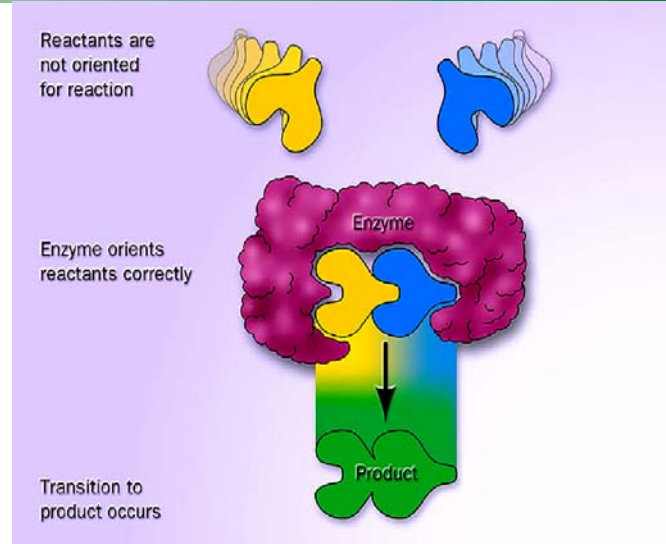
2007 生命科学事件之最

科学怪人Craig Venter

2007 新闻盘点：克隆与生殖研究

2007 新闻盘点之蛋白质组学

07 年完成基因组测序的生物



癌症研究里程碑： 首次揭示突变基因如何引发癌症

生物通报道：来自哥伦比亚大学癌症基因组研究所，瑞典兰德大学（Lund University，全球大学排名第 77，生物通注），芬兰坦佩雷大学（University of Tampere）等多国研究人员组成的研究小组首次揭示了 BRCA1（卵巢癌易感基因，Hereditary breast and ovarian cancer susceptibility gene，生物通注）中的突变如何引发乳腺癌，这一发现表明 BRCA1 突变引发癌症的一种途径是由一种称为 PTEN 的强有力的肿瘤抑制基因的敲除引起的。这一研究成果公布在 12 月 9 日的《Nature Genetics》在线版上，以及 1 月份的印刷版上。

这项研究由哥伦比亚大学的 Ramon Parsons 教授和兰德大学的肿瘤学教授 Åke Borg 共同领导完成，文章的第一作者是哥伦比亚大学的 Lao Saal 博士，目前他已获得了哥伦比亚大学的 MD。

Parsons 教授表示，“这些发现令人激动，因为 10 多年前就建立了 BRCA1 与乳腺癌之间的联系，但是我们一直都不了解这个基因的突变是如何引起乳腺癌的，这让我们感到十分沮丧，同时也限制了这些预后效果（指根据经验预测的疾病发展情况，生物通注）十分差的癌症的治疗。现在发现了 PTEN 在其中的作用，最终我们将能对这些癌症进行靶向治疗。”

1997 年，Parsons 教授开始领导着这两支各自独立发现 PTEN 基因的研究团队中的其中一支，PTEN 基因是在乳腺癌，以及脑癌和前列腺癌中最重要的肿瘤抑制基因之一，目前 PTEN 在所有癌症中占大约 30% 比例的癌症中都被确认过，因此 PTEN 也被认为是第二大重要的癌症突变基因——排在第一的是 p53（生物通注），敲除 PTEN 回导致强烈的肿瘤细胞生长信号，这与 BRCA1 突变不同，后者只会预先通告细胞积累遗传损伤，发送一个细胞生长的间接信号，Parsons 教授解释道，“一旦一个细胞失去 PTEN，那么它就会获得比它

邻近的细胞更大的生长优势，从而走向癌症。”

在这篇文章中，Parsons 与他的研究团队通过寻找 PTEN 基因染色体物理缺口的技术在 BRCA1 和 PTEN 之间建立了关联——这种技术在之前从未使用过，之前在 BRCA1 肿瘤中寻找 PTEN 突变的研究主要是通过寻找传统突变，无法显示任何异常。

研究人员对从带有 BRCA1 肿瘤的妇女上取得的 34 个样品进行了筛选分析，结果发现 PTEN 基因 split in two，但是在三分之一的癌症中不能得到修复，在有些样品中，PTEN 整个片段都丢失了，有些则 PTEN 基因的一半贴到了染色体的其它区域。

这些较大的染色体突变类型直接来自于肿瘤中 BRCA1 基因的缺失，在带有正常的 BRCA1 的患有乳腺癌的妇女中，很少发现 PTEN 这样的大突变。

Parsons 表示，一旦染色体突变的整体分析完成，就会发现 BRCA1 乳腺癌的 50% 带有 PTEN 突变。“我们的结果指出在遗传性和非遗传性乳腺癌中，PTEN 都扮演了主要的角色，这也许可以用于发展新型治疗方法，提升患有这些扩散性肿瘤的治疗效果”，Saal 博士表示。



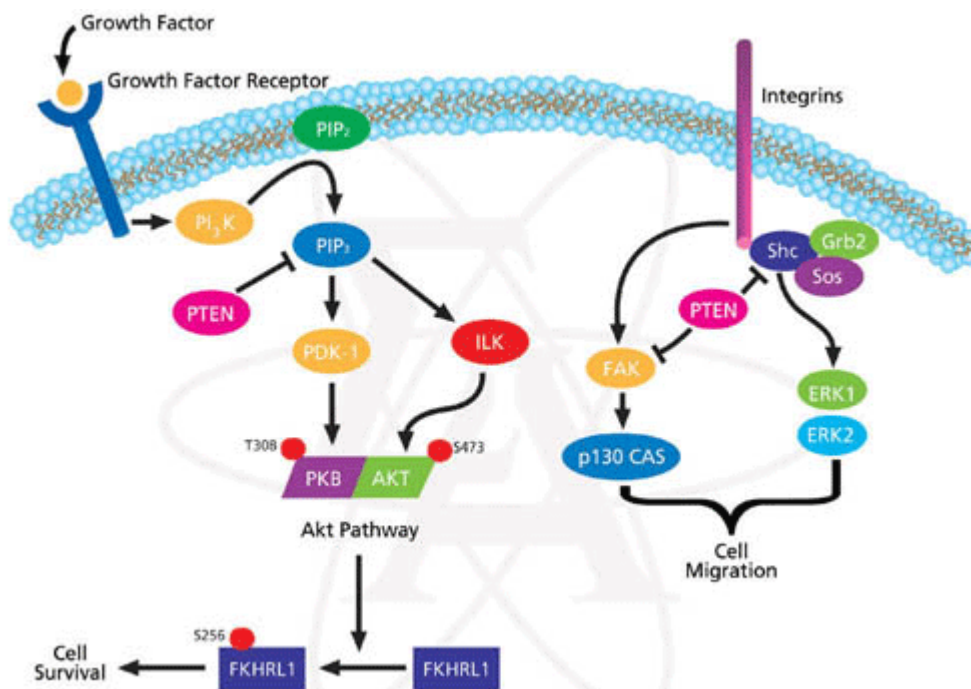
研究人员也预言除了 PTEN，还有其它癌症基因是 BRCA1 的靶标，Parsons 说，“利用同样的方法，我们希望能识别乳腺癌发育过程中其它的突变基因。”（生物通：张迪）

原文检索：Nature Genetics Published online: 9 December 2007 | doi:10.1038/ng.2007.39 Recurrent gross mutations of the PTEN tumor suppressor gene in breast cancers with deficient DSB repair[[Abstract](#)]

PTEN 基因与衰老

PTEN 肿瘤抑制基因编码一个磷酸酶，其能将 PIP3 和蛋白底物去磷酸化。PTEN 的功能由其含有多个磷酸化位点和 PDZ 基序的 C 末端区域调节。虽然 PTEN 的生长抑制功能已被证实，但其其他的生物学功能尚了解较少。一个线虫的 PTEN 等位基因 DAF-18 是胰岛

素/IGF-I 信号通路的组成成分，其能控制线虫进入第四期幼虫（dauer larval stage）的时间和成虫的寿命。为了进一步研究 PTEN 在胰岛素信号级链中的作用，和其在衰老过程中的可能作用，研究者在线虫中进行了实验。研究发现人类 PTEN 基因可以替换 DAF-18 基因，并能在 DAF-18 缺失的线虫中重建 dauer 和寿命表型（dauer and longevity phenotypes）。进而研究者提供了遗传学和生物化学方面的证据证明，dauer 和寿命调控与 PTEN 介导的 PIP3 调节水平有关。最终确定，PTEN 的 C 末端磷酸化位点和 PDZ 基序对 PTEN 调节胰岛素/IGF-I 信号通路十分关键。这些结果显示，PTEN 能够负调控完整有机体的胰岛素/IGF-I 信号通路，并由此提出 PTEN 可能与哺乳动物衰老有关的假说。



名校《自然》两篇文章：酶之舞



生物通报道：来自布兰迪斯大学（Brandeis University），霍德华休斯医学院的研究人员揭开了酶这一在细胞活动中扮演着重要角色的成分的生活秘密，他们利用一种成熟的新技术实时捕捉到了一种关键酶变换形状的图像，上演了一幕酶动力学舞蹈的精彩剧目。这一研究成果公布在11月18日的《Nature》杂志上。

这一研究在布兰迪斯大学完成，这是一所私立小型大学，虽然只有几十年的历史，在美国教育界却颇有地位，被誉为“全美最年青的主要研究院大学”。这所每年用在每名学生身上的经费高达29,500多美元的高等学府，以理科最为出色，生物化学(全美排第11)、物理(全美排第30)、化学(全美排第38)及生物，举国知名，其他学科，如计算机科学、英文、历史、政治科学和经济，也备受赞扬。领导完成这项研究的就是布兰迪斯大学的霍德华休斯医学院研究员 Dorothee Kern 博士（生物通注）。

Kern 和她的同事通过实时捕捉酶动力学特征，发现这些蛋白并不如之前生命科学研究人员认为的那样，直到催化事件发生才实质性的激活，而是在其催化时——底物结合上来之前就完成了一段动力学变化。这一研究的重要性在于能说明酶在完成各项重要的催化工作之前的细小变化。

在 Kern 等人的这两篇文章中，研究人员实际上获得了一种酶在底物不存在的情况下，形状或者构造的改变的整体图像，Kern 表示，“这确实是一种形态转变”，早期的研究只能获得酶固化后的 snapshots，它们真实的细微变化并不清楚。

这一为期三年的研究是一项突破，帮助研

究人员更加深入了解了酶的动力学特征，Kern 等人多年来一直致力于捕捉酶如何移动，以及如何改变形状，她在核磁共振（nuclear magnetic resonance, NMR）技术应用方面取得了许多经验，这种技术能检测到一个蛋白中个体原子的运动。但是在这项研究中，研究人员需要更多的实验技术帮助他们不仅获得关键蛋白的运动情况，还有蛋白的结构变化情况。他们需要了解这种短暂的，罕见的酶的形状——这对于理解以及设计药物至关重要。

最终 Kern 等人锁定了5种技术，即 X 射线结晶技术，NMR，单分子荧光共振转移（single-molecule fluorescence resonance energy transfer, FRFT，生物通注），分子动力学计算机模拟和顺磁性（paramagnetism，生物通注）。利用这些技术研究人员揭示了在这些少见的，活性与失活状态之间的中间状态过程中，蛋白是如何折叠的完整图像，其中每一种技术都解决了一些问题。

Kern 表示，“我们这项研究的主要目的是增加对蛋白的了解，用于预测它们的行为”，通过对这些微微秒（picosecond，生物通注）的改变，快速的微小构造运动，以及毫秒运动的观测，研究人员就可以更好的设计药物了。（生物通：张迪）

原文检索：Intrinsic motions along an enzymatic reaction trajectory [[Abstract](#)]

A hierarchy of timescales in protein dynamics is linked to enzyme catalysis [Abstract]

附：布兰迪斯大学是美国麻州一所私立小型大学，它成立于 1948 年，虽然只有几十年的历史，在美国教育界却颇有地位，被誉为“全美最年青的主要研究院大学”。大学的特点是崇尚小班教学，大部分课程的上课人数，都在三人以下，学生找教授解决疑难或聊天，一点困难也没有。

这所每年用在每名学生身上的经费高达 29,500 多美元的高等学府，以理科最为出色，生物化学(全美排第 11)、物理(全美排第 30)、化学(全美排第 38)及生物，举国知名，其他学

科，如计算机科学、英文、历史、政治科学和经济，也备受赞扬。前一两年有 3,890 人投考，录取率为 58%。大学有四所研究生院：文理研究生院、国际经济金融研究生院、Michtom 计算机学院以及 Florence Haller 社会福利研究生院。

这里必须一提的是，三分之二的学生来自犹太人中上家庭，因此来自回教家庭或同情阿拉伯国家的学生，都不宜申请。

学校声誉：在新出版的《美国新闻与世界报道》全美大学排行榜，布兰迪斯大学入选一级国家级大学名单，排名全美第 42 名。

年终超级礼遇



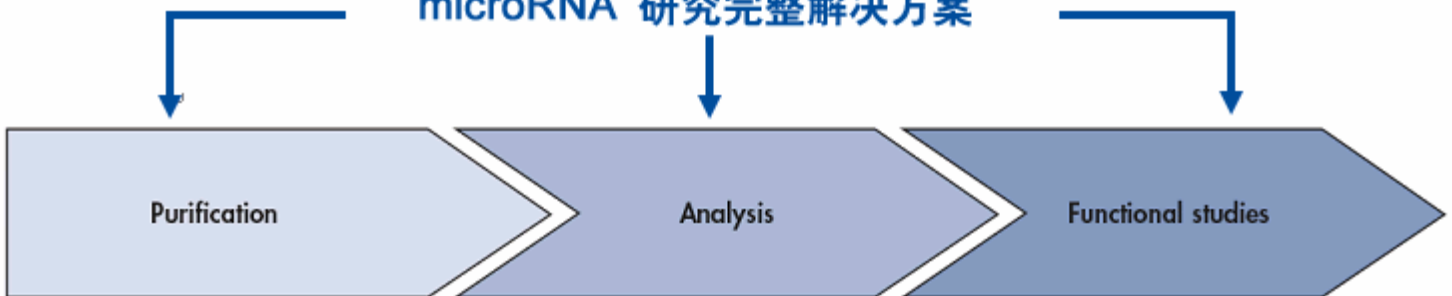
年终礼物兑换券>>

QIAGEN 年终超值回馈!
精彩好礼任你选!

活动时间：2007 年 11 月 15 日至 12 月 31 日

活动内容：活动期间累计购买 QIAGEN 试剂达到如下金额，即可获得 QIAGEN 送出的年终精彩礼物。

microRNA 研究完整解决方案



miRNeasy Mini Kit

miRNeasy 96 Kit

miScript Reverse Transcription Kit

miScript SYBR® Green PCR Kit

miScript Primer Assays

HiPerFect Transfection Reagent*

Coming soon:

miRNA Inhibitors†

miRNA Synthesis†

《PNAS》人类进化在加速!

生物通报道：美国犹他州立大学研究人员发现遗传学证据证实，人类进化正在加速，并且没有停滞或以一种恒定速率进行。这一发现表明，不同大陆上的人正在变得越来越不同。

研究人员所使用的一种新基因组学技术证实，人类正在加速进化，并且变化的幅度在过去的 40000 年里增大了许多，尤其是在大约 10000 前的冰河世纪末期以来。

犹他州立大学杰出的人类学教授 Henry Harpending 表示，这项研究的发现相当令人惊讶。该研究的结果刊登在 12 月 10 日的《PNAS》杂志上。

Harpending 博士解释说，人们与 1000 年或 2000 年前的人都有明显遗传差异。这活性能够解释海盗入侵者和他们的爱好和平的瑞典后裔之间的差异。经典的看法将这种差异归结为文化的变化，但是几乎任何气质特征都暗示出了强烈的遗传影响。

这项新研究否定了广泛接受的有关“出现在 40000 年前的现代人(广泛使用先进工具和工艺的人)此后几乎没有明显的变化并且我们所有人基本上都一样”的假说。

他们的研究证实，人类在几百年到数百万年的时间里的变化相当迅速，并且这些变化在不同的大陆群体中是有差别的。

生物的进化是自然科学领域中一个基础性问题。不同的物种都有它独特的、共同的进化特征。此前，来自美国佛罗里达州大学遗传研究所的研究人员在《PNAS》发表的文章解释了为什么雄性在与雌性拥有相同的核心基因的情况下却能更快进化。

研究的负责人 Marta Wayne 副教授表示，这是因为雄性更加简单：雄性遗传模式涉及更为简单的遗传构造，即不包括许多与雌性遗传有关的基因之间的相互作用。这一发现还可能帮助研究人员分析疾病为什么会现象出它的样子或在男人和女人中需要的治疗方法有差异。

研究人员利用芯片分析技术研究了基因表达如何在雄性和雌性果蝇产生遗传差异。果蝇在遗传上是相同的，除了雌性具有两条 X 染色体而雄性具有一条 X 染色体和 Y 染色体。雌性中多出来的 X 染色体可能回答其复杂。

研究人员指出，在雌性中，一个显性等位基因能够掩盖一个隐性基因的存在。与含两个 X 染色体的雌性不同，雄性只有一条来自母亲的 X 染色体。这意味着雄性的有性选择的机制简单，从而有助于雄性更快地进化。他们相信，这种相对简单的遗传途径有助于雄性对性选择压力作出应答，最终使他们胜过雌性并产生更大数量的后代。

另外，一个国际科学家小组近日通过研究多种蛔虫样本，得出结论认为，进化并不是如很多人认为的那样是随机的，而是具确定性且有秩序。相关论文 11 月 20 日发表于《现代生物学》(Current Biology) 上。在实验中，研究人员检测了大约 50 种蛔虫的产卵器官，发现了大量的发育变异

(developmental variation)。因为不同种成体



蛔虫的产卵器官差别不大，所以人员推测，这种变异是随机的。

研究人员在研究过程中发现了数量更多的产卵器官发育变异，并且这些种间进化变异在几乎所有情况下都是单向性的。比如，产卵器官发展所需的细胞分裂数是随着时间而减

少的，而不是随机的增加或减少。还有，用来形成产卵器官的环的数量在进化过程中也一直处于下降的状态。这些结果证明了，进化不是随机的，而是具确定性且有秩序的。（生物通杨遥）

BIONEER 热烈庆祝韩国著名生物公司BIONEER 正式登陆中国市场

DNA/RNA合成

Bioneer是全球DNA/RNA合成服务最主要供应商之一，拥有自主专利的高通量技术生产平台。该平台的核心技术是384并行DNA合成仪，这个平台是公司高通量、高质量寡核苷酸合成的保证。

优势

- ※ 世界最先进合成技术、独有专利384高通量合成仪、超大合成规模。Bioneer自行研制的专利384并行高通量DNA合成仪，可实现99%的高合成率，每天可合成寡核苷酸达30,000条。
- ※ 世界上最优质的质量，利用MALDI-TOF检测每一份合成的寡核苷酸。100%保证合成产品质量，并可以免费为客户提供质谱数据。
- ※ 提供96/384板合成产品，为基因芯片和诊断试剂盒生产厂家提供最高质量的引物。
- ※ 修饰方式齐全。可为您提供各种特殊用途的修饰寡核苷酸。
- ※ 大规模合成最佳选择！欧美市场“最经济的选择”！

合成业务

标准寡核苷酸	高通量服务
寡核苷酸的修饰	大规模服务
反义核苷酸合成	基因合成服务
siRNA合成（专利免费siRNA设计）	
基因组文库	
预合成引物	



联系我们

BIONEER北京代表处

地址：北京市丰台南方庄一号院安富大厦2010室
 电话：010-87670176/87672770
 传真：010-67695398
 网址：<http://www.bioneer-bj.com/>
 咨询：info@bioneer-bj.com
 技术支持：ts@bioneer-bj.com

BIONEER中国地区总代理

北京高端伟业生物技术有限公司
 地址：北京市丰台南方庄一号院安富大厦501室
 电话：010-67660112/67637029
 传真：010-67664973-812
 订购邮箱：bio@gr-extracts.com

《基因组研究》：调节 DNA 意外的多



生物通报道：人类基因组中的基因“小岛”周围是一片神秘的 DNA “海洋”。尽管这种非编码 DNA 的大部分都被认为是垃圾，但是一些则帮助基因开启和关闭。在本周的 Genome Research 杂志上，来自美国霍普金斯的研究人员报道说，他们发现促进遗传疾病发生的调节性 DNA 部分可能比之前想象的要多。

通过对一个神经元发育必须基因周围的 DNA 序列进行详细的分析，Andrew McCallion 博士领导的研究组发现，目前用于扫描基因组中调节性 DNA 的计算机程序会漏掉超过 60% 的这些重要 DNA 区域。

目前的方法是通过比较亲缘关系较远的物种的 DNA 来找出调节性序列的。这些方法的理论基础是：功能上重要的区域将会比非功能区域的相似性更强。研究人员解释说，这种方法存在的问题是往往会将“婴儿和洗澡水一起倒掉”了。因此，在考虑到序列保守性是开始发现调节性序列的好方法的同时，全面了解我们的基因组还需要其他方法来找出遗失的调节性成份。

McCallion 推测，用序列保守性方法会忽略掉一些调节性 DNA，为了知道丢掉了多少，他就以 *phox2b* 基因作为研究靶标。他之所以选择这个基因是因为它的尺寸较小并且他的研究方向是在神经发育领域，而 *phox2b* 基因与形成与压力应答的大脑和控制消化系统的神经元有关的大脑区域有关。

研究人员将 *phox2b* 基因周围的 DNA 序列切割成小碎片，然后将每个碎片和荧光蛋白基因一同插入到斑马鱼胚胎中。如果一个 *phox2b* 片段是调节性成份，那么它会使荧光蛋白质发光。通过观察发育中的斑马鱼胚胎，

研究人员就能够观察到哪些片段是调节因子。

研究组总共发现了 17 个离散的 DNA 片段能使斑马鱼的特定细胞发光。接着，他们又利用五种常用的序列保守性计算机分析程序来分析 *phox2b* 基因周围的完整区域。结果，常用方法只鉴定出了他们所确定的调节性成份中的 29% 到 60% 的 DNA 片段。

研究人员表示，他们的数据支持了近期 NIH（美国卫生研究院，生物通注）的 DNA 元件百科全书计划，这项研究计划暗示出许多与调节性蛋白质结合的 DNA 序列事实上在种间是非保守的。目前，McCallion 正在着手进行一项更大型的神经元基因研究。

“DNA 元件百科全书”计划

(Encyclopedia of DNA Elements, 简称 ENCODE) 曾在今年发表了一系列重要文章，挑战了关于人类基因组的传统理论，即人类基因蓝图不是由孤立的基因和大量“垃圾 DNA 片段”组成的，而是一个复杂的网络系统，单个基因、调控元件以及与编码蛋白无关的其他类型的 DNA 序列一道，以交叠的方式相互作用，共同控制着人类的生理活动。

ENCODE 计划产生了许多令人惊讶的发现，为未来进一步认识整个人类基因组的功能蓝图开辟了道路。科学共同体有必要重新考虑

下转 P11 页

最新文章发现 miRNA 与癌症新关联



生物通报道：来自约翰霍普金斯大学医学院 McKusick-Nathans 遗传医学研究所

(McKusick-Nathans Institute of Genetic Medicine, 生物通注)，宾州大学兽医学院 (School of Veterinary Medicine) 等处的研究人员揭开了为什么癌症中最常见的活性蛋白如此之危险的又一原因——他们发现这种称为 Myc 的蛋白能抑制体内至少 13 种 microRNAs 的生成，这一研究成果发表在《Nature Genetics》在线版上。

这项研究由 McKusick-Nathans 遗传医学研究所的副教授 Joshua Mendell 博士领导完成，之前他曾发现 Myc 可以开启淋巴瘤细胞 (lymphoma cells, 生物通注) 中一类称为 miR-17-92 的 miRNAs 簇 (能促进生长) 这一特殊群体。现在他领导其团队与宾州大学 Andrei Thomas-Tikhonenko 实验室合作，利用一种更广泛的方法，分析人类和小鼠淋巴瘤细胞中 300 多个 miRNAs。

微小 RNA (microRNA, 简称 miRNA) 是生物体内源长度约为 20—23 个核苷酸的非编码小 RNA，通过与靶 mRNA 的互补配对而在转录后水平上对基因的表达进行负调控，导致 mRNA 的降解或翻译抑制。对于 miRNAs 的研究起始于时序调控小 RNA (stRNAs)，由于 miRNAs 在物种进化中相当保守，在植物、动物和真菌中发现的 miRNAs 只在特定的组织和发育阶段表达，而且这种特异性和时序性，决定了组织和细胞的功能特异性，表明 miRNA 在细胞生长和发育过程的调节过程中起多种作用，因此 miRNA 的研究受到了生物学家的广泛关注。

在这篇文章中，研究人员发现 Myc 蛋白通过抑制 miRNAs 的生成从而引发癌症发生，而且他们也在几个实验中证明，重新将被抑制的 miRNAs 引入到包含 Myc 的癌症细胞中，

能抑制小鼠的肿瘤生长，并且提升了一种基因治疗方法的治疗效果。

研究人员发现在 Myc 蛋白含量高的细胞中，至少 13 种 miRNAs 的数量有显著的改变，文章第一作者 Tsung-Cheng Chang 表示：“结合 miR-17-92 实验数据，这一结果是令人惊讶的——Myc 的作用是关闭，而不是开启。”

当他们进一步深入研究淋巴瘤细胞的 DNA 的时候，研究团队也发现 Myc 能直接与 miRNA 基因处的 DNA 结合，Chang 说，“这是进一步的证据证明 miRNAs 水平降低的直接原因是 Myc。”

Mendell 表示，“这项研究延伸了我们对于 Myc 作为这样一种潜在癌症促进蛋白的理解”，“我们已经知道 Myc 可以直接调控数以千计的基因，而在这里，Myc 通过对 miRNAs 的作用，也许可以影响其它更多的基因，因此 Myc 的活性可以说十分复杂的调控了癌细胞种基因的表达。”

Thomas-Tikhonenko 补充道，“当然，我们仍然需要确定这些 Myc 调控的 miRNAs 是否直接在癌症扮演了重要的角色”，他的研究团队单独又将一些受抑制的 miRNAs 引入到 Myc 表达量高的小鼠淋巴瘤中，检测效果，结果他们发现超过 5 种的 miRNAs 能抑制癌

症生长,“虽然这些结果并不完全出乎意料,但是我们还不知道通过 miRNAs 抑制癌症的效果是如此之强大”。Mendell 也提到基于 RNA 的治疗在动物模型中获得了一些成功,研究人员也许将来能发现许多能抑制癌症的 miRNAs。(生物通:张迪)

原文检索: Nature Genetics Published online: 9 December 2007 | doi:10.1038/ng.2007.30 Widespread microRNA repression by Myc contributes to tumorigenesis [[Abstract](#)]

C-myc 癌基因

c-myc 基因是 myc 基因家族的重要成员之一,c-myc 基因既是一种可易位基因,又是一种多种物质调节的可调节基因,也是一种可使细胞无限增殖,获永生化功能,促进细胞分裂的基因,myc 基因参与细胞凋零,c-myc 基因与多种肿瘤发生发展有关。

一、c-myc 癌基因结构及表达

c-myc 基因是禽类髓细胞病毒 (AMN)MC-29 的 V-myc 的细胞同源序列,从 MC-29 病毒中分离的 V-myc 是 gag-myc 融合体,它由 1358 个 bp 的 gag 基因与 1568 个 bp 的 V-myc 基因共同组成.C-myc 基因由 3 个外显子及 2 个内含子组成,第一个外显子不编码,只起调节作用,只有外显子 2 和 3 与 V-myc 相对应,编码一个 439 个氨基酸的蛋白质.C-myc 基因由启动子 P1 或 P2 起始转录并在第一内含子中尚有一个潜在启动子 P,当第一个内含子发生断裂时,P 可被激活而成为一个异常转录起始点,但蛋白合成起始位点不变,并与正常 C-myc 基因产物相同.在各种不同动物中,C-myc 基因和第 2.3 外显子具有高度保守性,而第 1 外显子则有较大的差异.小鼠和人的外显子 1 只有 70%的同源性.人类 C-myc 基因定位于 8q24.在生理学上,C-myc

基因的表达一般与细胞的生长状态有关,如有生长因子刺激成纤维细胞,可导致 C-myc 表达增强,相反,在细胞分化时 C-myc 表达降低,在细胞培养过程中,用 C-myc 表达结构或反义寡脱氧核酸进行研究,发现 C-myc 在细胞 G0 期到 S 期的过程中也起作用.表明 C-myc 表达的变化与细胞的增殖及分化状态有关,其表达产物在调节细胞生长、分化或恶性转化中发挥作用。

二、C-myc 基因的表达产物及功能

C-myc 基因的产物为 62KD 的磷酸化蛋白 P62c-myc,是由 C-myc 基因的外显子 2 和 3 共同编码的由 439 个氨基酸组成的蛋白质,定位细胞核内,为核蛋白,依 C-myc 编码产物,功能分类,C-myc 癌基因属核蛋白基因,具有转化细胞的能力,并具有与染色体 DNA 结合的特性,在调节细胞生长、分化及恶性转化中发挥作用.C-Myc 蛋白在结构上可分为转录激活区,非特异 DNA 结合区,核靶序列,碱性区,螺旋-环-螺旋(HLH)及亮氨酸拉链区,在已知的转录因子中可介导蛋白的寡聚化,这两个区同时存在是 C-myc 蛋白所特有的,在其它蛋白质中,很少发现.在 C-Myc 蛋白中,螺旋-环-螺旋紧随着碱性区,揭示其以特异性序列方式和 DNA 相互作用.在以原核生物为实验对象的研究表明,该碱性区以一个自由环存在,当以特殊方式结合到 DNA 上时,则变成螺旋,该区是 C-Myc 蛋白与 DNA 特异序列的结合部位。

在 C-Myc 中还存在着与抑制细胞分化、自身抑制有关的区域及肿瘤转化所必需的区域.Smith 等研究了 C-Myc 的亮氨酸拉链区,该区介导各种转录因子的二聚作用.在亮氨酸重复部位的突变能显著降低 C-myc 抑制鼠红白血病(MEL)细胞分化能力,同样地,此

区的插入突变能消除 C-Myc 的转化活性。正是这些 C-myc 结构成分的表达阻止了细胞进入细胞周期，从而抑制许多细胞系的分化。Cronch 等对 C-Myc 亮氨酸拉链区的亮氨酸进行致突变，发现这些突变不能自身抑制，说明了亮氨酸拉链区在自身抑制中的重要性。Stone 等研究认为，C-Myc 分子的中间 1/3 以及 N-端，C-端是肿瘤转化所必需的，是 C-myc 基因与肿瘤转化有关的 C-myc 区段。正是由于这些 C-Myc 功能区域的存在，从而使 C-Myc 在胞浆内合成后，与其它蛋白形成寡聚体，再转移到核内，并结合到特异性的 DNA 序列上，从而激活和抑制许多靶基因的转录，引起细胞生长和分化的改变，发挥其生理调节功能及恶性转化作用。

近年来对程序性细胞死亡 (Programmed Cell death, PCD) 研究的深入，发现 Myc 蛋白参与诱导细胞凋亡。C-myc 基因表达的失调是多种细胞凋亡的主要诱因，细胞发生凋亡的速度及其对诱导因素的敏感性均依赖于细胞 Myc 蛋白的含量。尚未成熟胸腺细胞中 Myc 基因的高表达是胚胎胸腺细胞凋亡死亡的诱因。而且在凋亡细胞的死亡阶段，也观察到 C-myc 基因的高水平表达，如果用反义寡核苷酸阻断 C-myc 基因的表达，则细胞凋亡受到严重干扰。Evan 研究发现，C-myc 表达的失调也会启动去除生长因子后培养细胞的成熟前凋亡。他们对小鼠 IL-3 依赖性髓样细胞系 32D 进行观察，发现在洗去 IL-3 后，可立即观察到 C-myc 基因表达下调。结果使培养细胞停止于 G1 期，将携带 C-myc 基因的载体转染 32D 细胞，获得稳定表达 C-myc 基因的 32D 细胞克隆，结果这种细胞去除 IL-3 后，不停止于 G1 期，而是启动以凋亡为特征的程序性细胞死亡。结果揭示细胞凋亡是清除固定突变及细胞周期调控失衡的细胞的重要机制，一旦细

胞发生障碍，C-myc 基因会启动凋亡程序，相反，则导致肿瘤形成。

三、myc 癌基因与人类肿瘤

myc 基因定位于染色体 8q24、IgH、IgK、Igλ 链的基因位点分别在 14q32、2P13 和 22q11，在 BL 细胞中往往出现 C-myc 基因位点与 Ig 基因位点之间的易位，即 C-myc 易位到 Ig 位点的高活性转录区，从而组成一个高活性的重排基因，启动 C-myc 转录，使 C-myc 表达增强，促进细胞恶变，最后导致肿瘤的发生。

C-myc 基因主要通过扩增和染色体易位重排的方式激活，与某些组织肿瘤的发生、发展和演变转归有重要关系。在不同的人体肿瘤细胞系中，包括粒细胞性白血病细胞系，视网膜母细胞瘤细胞系，某些神经母细胞瘤细胞系，乳腺癌细胞系及某些肺癌细胞系，已发现 C-myc 或 C-myc 相关序列的扩增，在人结肠癌细胞系中也观察到 C-myc 基因的扩增。C-myc 癌基因已在成骨肉瘤、软骨肉瘤、脊索瘤、脂肪肉瘤、横纹肌肉瘤中发现扩增，当扩增达到 30 倍时，染色体上表现 HSR 和 DMS，而且 C-myc 过量表达与肿瘤的早期复发有关，在致瘤中，已发现 ras 与 myc、sis 与 myc、myc 与 fos 偶联激活，协同致瘤等。

许多资料表明 C-myc 位点在所有受检的 B 细胞肿瘤中有重排，Casares 等发现定位在 8 号染色体上的 C-myc 与定位在 14 号染色体上的 Ig 重链基因有同样的 14.2Kb 的 *ecori* 酶切片段，因而发生 8:14 易位可能是何杰氏淋巴瘤的一个普通标志。N-myc 在人神经母细胞瘤、视网膜母细胞瘤和小细胞肺癌中有扩增，扩增的程度与肿瘤的发病进程有关。Schwab 等报告 20% 的神经母细胞瘤有

N-myc 扩增，其中大多数是侵袭性肿瘤。Seeger 等报告基因拷贝数的多少预示疾病的进程，总的来说，带有一个拷贝数的 I、II、III、IV 期神经母细胞瘤常规治疗效果较好，带有多个拷贝的 II、III、IV 期病人，病情将不断加重。c-myc 首先被发现与小细胞肺癌有关，30% 的病例 c-myc 扩增，复发病人中，myc

扩增者的生存期短于没有扩增的病例，研究还发现接受化疗的肿瘤病人易引起 myc 扩增。有关 myc 基因扩增与其它肿瘤的关系也有许多报道。目前认为胃癌、乳腺癌、结肠癌、宫颈癌、何杰金氏病及头部肿瘤等都有 myc 基因的扩增或过度表达。

上接 P7 页

长期以来对于基因和基因组功能的认识，这将对与人类疾病相关的基因序列研究产生重大的影响。（生物通杨遥）

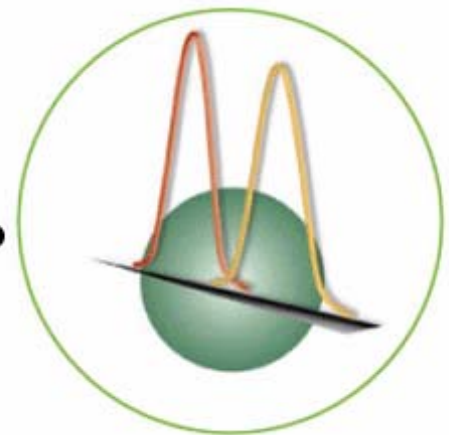
在分离和纯化蛋白质和多肽？

脱盐和交换缓冲液
所需时间不超过5分钟

省时 让实验室生活更精彩



- 脱盐
- 去除小分子标记物
- 去除添加剂
- 去除小分子抑制剂
- 交换缓冲液



为了省时，请赶快选择订购 GE Healthcare 的凝胶过滤产品来脱盐或交换缓冲液吧！（具体产品信息见内页）



华裔女博士《PNAS》发现 治病基因新特征



生物通报道：来自俄亥俄州立大学医疗中心的研究人员发现了人体重要的多巴安受体（dopamine D2 receptor, DRD2）在神经活动中与众不同的生化基因特征，这也许可以用于预测患有一些类似于精神分裂症（schizophrenia），帕金森症以及药物上瘾等精神失序疾病的患者的最有效的抗精神病药。这一研究成果公布在《美国国家科学院院刊》（PNAS）杂志上。

领衔这一研究的是俄亥俄州立大学的张莹博士，其在导师，药理学基因组负责人 Wolfgang Sadee 引导下，三年前展开这项研究，作为她攻读神经科学博士学位的研究课题。31岁、来自湖南的张莹表示，已知研究都指出多巴安 D2 型受体(dopamine D2 receptor)是参与人体神经的认知、记忆与行动控制重要因素，它与多种神经疾病也有密切关系，但没有人知道它与上述因素的具体关系，也没有人知道这一受体与其它神经组织的不同。

为了了解这一受体的特别之处，Sadee 把这项任务交给张莹，参与这项研究的还有俄大统计系教授李美玲(Mei-Ling Lee, 译音)、博士生萧涛(Tao Xiao)和实验室研究员王丹心(Danxin Wang)以及 Audrey Papp 等。

Wolfgang Sadee 指出，“我们的这项研究表明了这些差异影响正常大脑活性和记忆过程，因此也许对于精神疾病也是具有重要意义的。”

经过近四年的筛选性研究，研究人员最终发现 DRD2 有个与众不同的基因标记：一种单核苷酸多态性 SNPs，这个 SNP 影响着受体的基因表达，从而影响精神分裂症、帕金森氏症和嗜毒等脑神经疾病对药物的反馈。

Sadee 表示，“找到这种受体的基因特征，

就可以更有效地发现上述脑神经疾病的对抗疗法。在不了解这些疾病的特质时，有的药物对这些疾病有效，有的则没效，但在服用本来无效的药物期间，患者可能遭受其它的损伤。”

之后研究人员还在正常人志愿者中进行了简单的记忆功能测试，并通过功能性磁共振成像（fMRI, functional magnetic resonance imaging）检测参与者的的大脑活性，结果证实了他们的发现。

目前研究人员正在致力于在患有精神分裂症和可卡因上瘾的病人身上检测 SNP 标记的作用。（生物通：万纹）

附：单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)

单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP),主要是指在基因组水平上由单个核苷酸的变异所引起的 DNA 序列多态性。它是人类可遗传的变异中最常见的一种。占有所有已知多态性的 90%以上。SNP 在人类基因组中广泛存在，平均每 500~1000 个碱基对中就有 1 个，估计其总数可达 300 万个甚至更多。

SNP 所表现的多态性只涉及到单个碱基的变异，这种变异可由单个碱基的转换(transition)或颠换(transversion)所引起，也可由

碱基的插入或缺失所致。但通常所说的 SNP 并不包括后两种情况。

理论上讲, SNP 既可能是二等位多态性,也可能是 3 个或 4 个等位多态性,但实际上,后两者非常少见,几乎可以忽略。因此,通常所说的 SNP 都是二等位多态性的。这种变异可能是转换(C T, 在其互补链上则为 G A),也可能是颠换(C A, G T, C G, A T)。转换的发生率总是明显高于其它几种变异,具有转换型变异的 SNP 约占 2/3,其它几种变异的发生几率相似。Wang 等的研究也证明了这一点。转换的几率之所以高,可能是因为 CpG 二核苷酸上的胞嘧啶残基是人类基因组中最易发生突变的位点,其中大多数是甲基化的,可自发地脱去氨基而形成胸腺嘧啶。

在基因组 DNA 中,任何碱基均有可能发生变异,因此 SNP 既有可能在基因序列内,也有可能是在基因以外的非编码序列上。总的来说,位于编码区内的 SNP(coding SNP,cSNP)比较少,因为在外显子内,其变异率仅及周围序列的 1/5。但它在遗传性疾病研究中却具有重要意义,因此 cSNP 的研究更受关注。

从对生物的遗传性状的影响上来看,cSNP 又可分为 2 种:一种是同义 cSNP(synonymous cSNP),即 SNP 所致的编码序列的改变并不影响其所翻译的蛋白质的氨基酸序列,突变碱基与未突变碱基的含义相同;另一种是非同义 cSNP(non-synonymous cSNP),指碱基序列的改变可使以其为蓝本翻译的蛋白质序列发生改变,从而影响了蛋白质的功能。这种改变常是导致生物性状改变的直接原因。cSNP 中约有一半为非同义 cSNP。

先形成的 SNP 在人群中常有更高的频率,后形成的 SNP 所占的比比较低。各地各

民族人群中特定 SNP 并非一定都存在,其所占比率也不尽相同,但大约有 85%应是共通的。

SNP 自身的特性决定了它更适合于对复杂性状与疾病的遗传解剖以及基于群体的基因识别等方面的研究:

1、 SNP 数量多,分布广泛。据估计,人类基因组中每 1000 个核苷酸就有一个 SNP,人类 30 亿碱基中共有 300 万以上的 SNPs。SNP 遍布于整个人类基因组中,根据 SNP 在基因中的位置,可分为基因编码区 SNPs (Coding-region SNPs, cSNPs)、基因周边 SNPs (Perigenic SNPs, pSNPs) 以及基因间 SNPs (Intergenic SNPs, iSNPs) 等三类。

2、 SNP 适于快速、规模化筛查。组成 DNA 的碱基虽然有 4 种,但 SNP 一般只有两种碱基组成,所以它是一种二态的标记,即二等位基因 (biallelic)。由于 SNP 的二态性,非此即彼,在基因组筛选中 SNPs 往往只需 +/- 的分析,而不用分析片段的长度,这就利于发展自动化技术筛选或检测 SNPs。

3、 SNP 等位基因频率的容易估计。采用混和样本估算等位基因的频率是种高效快速的策略。该策略的原理是:首先选择参考样本制作标准曲线,然后将待测的混和样本与标准曲线进行比较,根据所得信号的比例确定混和样本中各种等位基因的频率。

4、 易于基因分型。SNPs 的二态性,也有利于对其进行基因分型。对 SNP 进行基因分型包括三方面的内容:(1)鉴别基因型所采用的化学反应,常用的技术手段包括:DNA 分子杂交、引物延伸、等位基因特异的寡核苷酸连接反应、侧翼探针切割反应以及基于这些

下转 P14 页

冷泉港：大脑干细胞对空间辐射敏感



生物通报道：美国冷泉港实验室科学家领导的一个研究团队就空间辐射对宇航员的可能影响进行了研究。他们的研究结果将为确保参与长距离空间旅行人员的安全提供科学基础。保护宇航员不受空间辐射引起的健康威胁的措施在宇航员执行任务期间非常重要。

利用一种能够反应出大脑细胞群中轻微变化的小鼠模型，研究人员发现辐射似乎能够靶向大脑中被人物对学习 and 情绪控制至关重要的区域中的一类干细胞。

冷泉港实验室与合作实验室的这项这些发现暗示出，确定药物治疗或对宇航员的物理屏障保护将对人类空间人物的成功非常重要。

干细胞非常重要，因为他们能够进行自我更新并产生任何类型的细胞。在这项研究中，冷泉港的研究人员构建了一种小鼠模型：这种小鼠具有容易鉴定、具荧光的干细胞。干细胞在变成神经元时会失去它的荧光，因而比较容易计算它们的数量。研究人员用一定剂量的射

线照射这种小鼠，辐射剂量等同于经过三年空间旅行的宇航员接受到的辐射量。

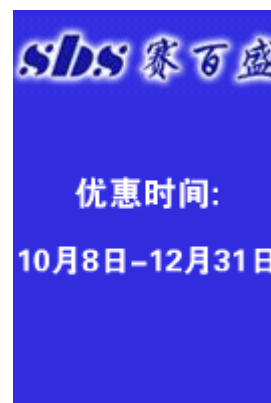
接着，研究人员对这种小鼠进行分析并意外地发现海马体中的一种特殊类型的干细胞被选择性地杀死了。这种细胞通常处于静止、休眠状态。

这项发现之所以让研究人员很意外是因为之前认为分裂中的细胞对辐射最敏感。这个理论也是将放射用于癌症治疗的一个基础。这些干细胞很少分裂，但是他们却是对这种辐射最敏感的细胞群。研究证实，这种辐射让三分之二的这种静止细胞死亡。目前所面临的挑战是找到保护这些细胞的方法。（生物通雪花）

上接 P13 页

方法的变通技术；(2)完成这些化学反应所采用的模式，包括液相反应、固相支持物上

进行的反应以及二者皆有的反应。(3)化学反应结束后，需要应用生物技术系统检测反应结果。



干细胞应用的两个技术难题被克服



生物通报道：由伦敦帝国学院生物技术和生物学研究委员会（BBSRC）资助的一队研究人员克服了用干细胞修补受损心脏过程中的两个主要障碍。在 12 月 13 日的英国干细胞计划会议上公布的这个报告中，研究领导者 Sian Harding 教授公布了她的研究组在成熟跳动的的心脏细胞方面的重要进展。

从一开始帝国学院的研究人员的目标就是解决开发一种干细胞心脏“补丁”过程中的两个问题。第一个难题就是副作用，如心率不齐，这种情况是由于未成熟和发育不完全的心肌细胞被引入心脏所导致的。第二个问题就是需要一种能够与心脏相容并能够承载新心肌细胞的骨架。将这种材料与人类心脏肌肉进行匹配，还能够放置心脏功能在完成细胞替代前发生恶化。

Harding 教授的研究组在实验室中设法对跳动的胚胎干细胞衍生的心肌细胞跟踪了长达 7 个月的时间，并且证实这些细胞确实已经成熟。在这个过程中，这些细胞协调了跳动活动，并且它们采用了成熟心脏中发现的成熟调控方式。这些已经发育成熟的心肌细胞将与成熟心脏更加相容，并且其导致心率不齐的可能性也相应地减少了。

研究组还克服了开发生物相容性骨架的技术障碍。通过与一组生物材料工程师合作（其中包括华人工程师陈奇志博士，Qizhi Chen，生物通注），研究人员开发出一种与人类组织具有高水平生物相容性、一定的弹性和程序性降解能力的新型生物材料。

研究人员发现，他们的这种材料能够在任何器官结构中都能在两周后进行程序性降解。Harding 博士表示，他们的这项研究是了解干细胞衍生的发育心脏细胞如何在实验室中成熟以及如何合成生物材料以构成“补丁”将细胞传递到心脏受损部位这两个重要问题的一大进步。

此前，斯坦福大学医学院的研究人员在向人类移植干细胞产生新的免疫系统、治疗人类自身免疫系统或遗传性血液疾病方面迈出了重要一步。研究表明，在小鼠骨髓中移植进新的造血干细胞后，可以生成新的免疫系统。相关研究成果发表在 11 月 23 日的 Science 上，该项目由斯坦福大学医学奖学金项目，国立癌症研究所（NCI），国立卫生研究院（NIH）共同资助。

由于这项工作是在与人类免疫系统相似度很低的小鼠上开展的，论文作者、斯坦福大学干细胞与再生医学研究所主管 Weissman 博士称，这项技术在应用到人体上前还需要解决很多问题。但是他相信，这些困难都是可以克服的，而且一旦这些障碍被扫除以后，这项技术将产生无穷的益处。（生物通雪花）

癌症研究突破：首次发现癌蛋白新作用



生物通报道：细胞在像是增殖这样的过程中常常受到蛋白之间相互作用不用频率和不同开启时间的调控，近期来自北卡罗来纳州立大学（North Carolina State University，生物通注）分子与结构生物化学系的研究人员发现一种特殊的蛋白与蛋白之间的相互作用，这种相互作用能阻止细胞关闭其一个开关，从而导致不受限制的细胞增殖——癌症的一个典型特征。这是第一次发现一种特异性蛋白：Ras 蛋白与其绑定蛋白：Raf 的相互作用能阻止开关开启。这一研究成果公布在《细胞》子刊《Structure》杂志上。

文章的作用是来自北卡罗来纳州立大学的 Carla Mattos（通讯作者，结构与分子生物化学系副教授，生物通注），Greg Buhrman（第一作者，生物通注）和实验室本科生 Glenna Wink。这项研究得到了美国国立卫生研究院的资助。

Ras 是大鼠肉瘤(rat sarcoma,Ras)的英文缩写。Ras 蛋白是原癌基因 c—ras 的表达产物，相对分子质量为 21kDa，属单体 GTP 结合蛋白，具有弱的 GTP 酶活性。Ras 蛋白的活性状态对细胞的生长、分化、细胞骨架、蛋白质运输和分泌等都具有影响，其活性则是通过与 GTP 或 GDP 的结合进行调节。

Mattos 表示，Raf 能保护 Ras 两个所谓的开关区域中的一个，而另一个开关就像一道紧闭的门，分离出整体信号开关定位的关键区域。

在分子生物化学研究领域，细胞增殖的指令是由开—关调控的蛋白与蛋白相互作用级联方法发出的，当蛋白可以相互作用，细胞就增殖，当这种相互作用关闭的时候，细胞就不能增殖。如果这一开关受到影响，那么细胞就会不得进行繁殖。

已知有组成蛋白的氨基酸 20 种，每一种

蛋白都有自己独一无二的氨基酸序列，在 Ras 的 189 个氨基酸组成的蛋白链中，发生变化的是第 61 个氨基酸残基，正常 Ras 蛋白在这个位置是谷氨酸——能帮助开关关闭，而通常在癌症细胞中，谷氨酸会发生突变，变成亮氨酸（leucine）。

Mattos 指出，“当存在 Raf，并且 Ras61 位蛋白残基发生突变，或者其它引起细胞转化（癌细胞特征之一，生物通注）的氨基酸发生突变的时候，这个开关会被‘塞住’”，“对于谷氨酸或其它不会引起细胞转化的突变，即使 Raf 结合在 Ras 上，分子门也可以打开——这道门在 Raf 不存在的时候总是打开的。”

这一研究论文回应了 20 世纪 80 年代的一个 paradox，当时科学家门比较了细胞中和从包含有 Raf 等细胞成分的溶液中的 Ras 突变的行为，结果发现在溶液中，能引起细胞转化的 Ras 突变和不能引起细胞转化没有什么区别，只是关闭 Ras 开关的能力下降了十倍（不包括 61 位谷氨酸突变），科学家们不知道为什么在细胞环境中 Ras 突变会不同。

Mattos 等人的这项研究为这一困惑提供了一个答案：当 Raf 结合在带有亮氨酸突变的 Ras 上的时候，这个开关会停滞住，并且当

Raf 不存在的时候, 这个开关还会关闭。正常 Ras 蛋白无论 Raf 是否存在, 都能关闭这个开关。Mattos 说, “我们都知道细胞中发生了一些与 Ras 无关的事情, 现在我们了解到这些事情与 Raf 有关, 当缺陷型 Ras 遇到 Raf 的时候, 就无法接近这个开关, 高调控细胞增殖系统就会被阻断, 从而导致不受限制的细胞增殖, 发生癌变。” (生物通: 张迪)

原文检索: Structure, Vol 15, 1618-1629, 13

December 2007 Transformation Efficiency of RasQ61 Mutants Linked to Structural Features of the Switch Regions in the Presence of Raf [[Abstract](#)]

附: ras 癌基因的命名来自大鼠肉瘤 (rat Sarcoma) 的字首, 1964 年从大鼠肉瘤的急性逆转录病毒 (Harvey murine Sarcoma Virus 和 Kister murine Sarcoma Virus) 中分离出来。1982 年在 T24 人膀胱癌细胞株中检测出具有转化能力的 ras 癌基因, 为 Harvey 大鼠肉瘤病毒癌基因的同系物, 称 C-Ha-ras; 其后从人肺部细胞中发现 Kister 大鼠肉瘤病毒癌基因的

同系物, 称 C-Ki-ras; 从人神经胚胎瘤细胞发现的另一种 ras 癌基因称 N-ras, 该种与病毒无关。这三种哺乳动物基因组中普遍存在的 ras 癌基因家族成员 (Ha-ras-1、Ki-ras-2、N-ras) 编码的蛋白质大约有 90% 的氨基酸序列同源, 分子量均为 21,000 道尔顿, 故称为 rasp21 蛋白, 其在功能上与 G 蛋白相似, 具与鸟苷酸结合的能力。rasp21 蛋白与 GDP 结合为其非活性状态, 与 GTP 结合为其活性状态, 自身具弱 GTPase 活性, 位于细胞膜内侧参与跨膜信号传递作用。人类原发肿瘤点突变主要发生在密码子 12、13、59、61 位, 这些位点的突变都能使 ras 癌基因活化。导致细胞增殖信号的持续流动, 使细胞具有恶性潜能。

在哺乳动物肿瘤发生中 ras 癌基因的作用已在各种致癌物诱导的动物肿瘤模型中得到证实, 致癌物多是些诱变剂, 能直接引起 ras 癌基因的活化, ras 癌基因在诱发肿瘤中的高突变率及致癌物活化作用的可重复性, 有力地说明 ras 癌基因在赘生物发生中具起始作用。

表 1 在致癌剂诱导的动物肿瘤中 ras 癌基因被激活情况

癌基因名称	第一个外显子中第 12 倍密码子	P21N 端第 12 位氨基酸
人正常 c-Ha-ras1	GGC	Gly
人 T24 膀胱癌 c-Ha-ras 1	GTC	Val
人-Ha-ras	GGT	Gly
人-正常 c-Ki-ras 2	GGT	Gly
人 SW480 结肠癌 c-Ki-ras 2	GTT	Val
人 Calus 1 肺癌 c-Ki-ras 2	TGT	Cys
V-Ki-ras	AGT	Ser
	第二个外显子中突变密码子	P21N 端第 61 位氨基酸
人正常 c-Ki-ras	CTG	Glu
人工 s242 肺癌衍生细胞系 c-Ki-ras 2	CAG	Leu

在人类肿瘤中检测 ras 癌基因点突变可推断 ras 癌基因点突变在其发生发展中的作用。

华裔学者谢磊博士： 新技术预测药物副作用



生物通报道：在进行人类临床实验前确定出药物的副作用在研发新药物过程中是至关重要的一步，而大约三分之一的药物研发失败都是因为有意料之外的影响。现在，来自美国加州大学圣地亚哥分校的研究人员发明了一种利用计算机模拟方法来鉴定药物潜在副作用的新技术，并且使用这项技术研究了包括“它莫西芬”在内的一类药物。它们的研究发表在网络版 PLoS Computational Biology 上。

通常的检测方法是在进行人类试验前先在动物中进行化合物的筛选研究，从而希望确定出有潜力药物的可能副作用。由加州大学的华裔研究人员谢磊（Lei Xie，音译，圣地亚哥分校的超级计算机中心博士，生物通注）和 Philip Bourne 博士领导的这个研究队伍则通过使用含有数万种三维蛋白质结构信息的数据库——Protein Data Bank（PDB），依靠强大的计算机模拟来筛选特定的药物分子。

药物分子被设计成能够与靶标蛋白结合，从而达到治疗效果，但是如果小药物分子像钥匙一样插入到一个非靶标蛋白质，那么就会导致副作用的发生。

为了确定出哪些蛋白质是“意外”靶标，加州大学的研究人员拿出了一个单独的药物分子来研究它如何与许多人类蛋白质相结合。在发表的这项研究中，研究人员分析了选择性雌激素受体调节因子（SERMs, Estrogen Receptor Modulators）来验证这种新方法。研究的这类药物包括了常用的抗癌药物它莫西芬。

研究人员解释说，他们开发的这种计算机程序以一种已有的药物分子结合靶标蛋白的三维模型开始。例如，SERM 与雌性激素受体结合。然后，研究人员使用计算机分析方法来

搜索其他适合药物结合部位的蛋白质结合位点。

在这项研究中，研究组发现了 SERM 的一个新的蛋白质靶标。这第二个结合位点的确定解释了已经知道的这种药物的副作用，并且为修饰这类药物以维持靶向唯一性开启了一扇大门。

研究人员表示，如果一种药物有副作用，它可能是因为它与不期望的第二个分子发生了结合。利用这种计算机技术寻找其他的结合位点能够发现三种情况：新的结合位点没有影响；新发现的结合位点可能解释这种药物的某种副作用；研究可能发现了已有药物的一种新治疗效果。

目前，加州大学圣地亚哥的研究人员还在继续他们的研究。Bourne 表示，他们的研究能够适用于市场上的任何一种在 PDB 有记载的药物。当然，他也表示他们的这种方法仍然需要实践检验。

三氧苯胺（他莫西芬）是世界上使用最多的一种抗癌药物，广泛用于对雌激素敏感的各期乳腺癌的治疗和预防。然而，三氧苯胺虽然能够有效的防治乳腺癌，但同时又能诱发子宫内膜癌。这项新的研究则可能为消除这些老药的不足之处奠定基础。（生物通雪花）

中国 RNAi 专家最新《细胞》文章



生物通报道：来自广东中山大学附属第二医院的研究人员利用 RNA 基因干扰技术 (RNAi)，成功地干扰抑制乳腺癌的癌症干细胞（指成瘤能力特别强的癌细胞，是恶性肿瘤成瘤、发展、转移和治疗后复发的根源，生物通注），这将有利于癌症的基因治疗，防止癌症的复发转移。这一研究成果即将公布在《Cell》杂志上。

领导这一研究的是中山大学附属第二医院宋尔卫教授，其早年毕业于原中山医科大学，现任中山大学附属第二医院普外科副主任、乳腺研究中心研究员，博士生导师，2006 年被聘为“长江学者”特聘教授。宋尔卫教授主要从事 RNA 干扰在疾病治疗的应用价值研究与巨噬细胞激活状态与疾病关系研究。他在小分子 RNA (siRNA) 治疗上的论著，两度登上英国《自然》杂志。

2003 年他在《Nature Medicine》发表的文章首次成功地将 RNA 基因干扰技术应用于保护小鼠爆发性肝炎的模型，2005 在《Nature Biotechnology》杂志上，宋尔卫教授在 RNAi 干扰技术上又迈进了一大步，成功解决了把 RNA 干扰药物特异性导入体内细胞的难题。这一研究的突出贡献在于作为基因治疗技术的 RNA 干扰，能够仅作用于癌细胞而不对周围的正常组织细胞产生干扰，这就解决了 RNA 干扰的一大难题。

在最新的这篇文章中，宋尔卫等人通过小鼠实验，发现一种称为 let-7 的 miRNA 在乳腺癌干细胞中的表达很低，于是他们通过病毒载体，把人工合成的蛋白精确导入癌干细胞中，恢复 let-7 的表达，发现“干细胞特性”（这些特征是癌干细胞生成肿瘤、导致癌细胞转移和产生对治疗耐药的关键）被明显抑制，癌干细胞在体外和体内的自我增殖能力、多向分化和

成瘤能力均显著下降。因此，他们认为小分子 RNA 干扰可成为针对乳腺癌干细胞的有效治疗手段。

小分子 RNA 与癌症之间的关系一直以来都是癌症专家，小分子 RNA 专家等各领域关注的焦点，之前发表在《Nature》上的文章三篇研究报告证明，小分子 RNA 与癌症的形成有关——分别来自冷泉港实验室，波士顿卡纳—法贝尔癌症研究所和约翰霍普金斯医学院的研究人员通过不同的介入点证明小分子 RNA 与癌症的特殊关联（生物通注）。

最新的研究显示，miRNAs 与癌症存在千丝万缕的联系，在这方面的深入研究将有利于癌症的诊断和治疗，目前宋尔卫教授正和中国科技大学合作，研究开发“纳米载体”，有望在 5 年内申报新药临床实验。（生物通：张迪）

原文检索：Cell, Vol 131, 1109-1123, 14 December 2007 let-7 Regulates Self Renewal and Tumorigenicity of Breast Cancer Cells[[Abstract](#)]

附：宋尔卫特聘为教育部“长江学者”特聘教授

2007 年，经中山大学推荐和评审，中山大学北校区支社社员宋尔卫被教育部聘为 2006 年度“长江学者”特聘教授。

宋尔卫，男，1970 年 4 月生，广东鹤山

人。现任中山大学附属第二医院普外科副主任、乳腺研究中心研究员，博士生导师。主要从事 RNA 干扰在疾病治疗的应用价值研究与巨噬细胞激活状态与疾病关系研究。他在小分子 RNA (siRNA) 治疗上的论著，两度登上英国《自然》杂志，科研成果在美国《科学》杂志评选的“2003 年度世界十大科技突破”中位列第四。2005 年，他获得了国家杰出青年科学基金、国家自认科学基金、国家重点基础研究 (973 计划) 基金、霍英东教师青年基金、教育部新世纪优秀人才计划项目、教育部科学技术研究重点项目、教育部回国人员启动基金以及广州市科委基金等共计 293 万元。先后在 SCI 收录的《Nature Medicine》、《Nature Biotechnology》、《Journal of Virology》、《PNAS》、《Blood》等国际杂志上先后发表文章 28 篇，总影响因子超过 145 分，到 2006

年 3 月份，论文被国际上同行引用 540 次。此外还主编写了高等教育出版社出版的《RNA 干扰的生物学原理与应用》，参与编写了纽约 CRC Press 出版的《Gene Silencing by RNA Interference: Technology and Application》等 RNA 干扰方面的专著，并被邀请为英国牛津大学主办的《Journal of RNAi and gene silencing》杂志编委。目前正在进行的研究有《人源性 her2 ScFv 导向 RNAi 对乳腺癌治疗的研究》、《靶向选择性激活巨噬细胞的 HIF-1 RNAi 治疗乳腺癌的研究》、《MicroRNA 对乳腺癌干细胞分化发育的影响》等课题，并且已经取得了初步的成果。2006 年 6 月，他被评为各民主党派、工商联、无党派人士为全面建设小康社会做贡献先进个人，在人民大会堂接受表彰。



默克年终献礼，买得多，省得更多

蛋白研究必备工具年终献礼，买得多，省得更多

为支持蛋白研究，德国默克协同代理商，为大家提供年底特价优惠产品，以下品种一律现货提供。

细胞筛选抗生素

- [G418](#)
(货号 345810 5G) 纯度高，性价比好，提供多种包装和剂型 **65折促销价 2153元**
- [Hygromycin B](#)
(货号 400052 20ML) 纯度高，性价比好，提供多种包装和剂型 **5折促销价 987元**

蛋白酶抑制剂

- [Protease Inhibitor Cocktail Set I\(广谱型\)](#)
(货号 539131 1VIAL) 抑制效率高，方便好用 **8折促销价 398元**
- [Protease Inhibitor Cocktail Set III\(哺乳动物细胞专用\)](#)
(货号 539134 1ML) 抑制效率高，方便好用 **8折促销价 810元**

北大生科院教授最新《PNAS》文章

生物通综合：来自北京大学生命科学学院，北大-耶鲁联合植物分子遗传和技术中心（Peking - Yale Joint Center of Plant Molecular Genetics and Agrobiotechnology），日本国立农业研究中心，美国俄亥俄州立大学的研究人员在水稻矮缩病毒入侵昆虫宿主机制方面的研究取得了研究进展。这是在这一研究小组发现了水稻矮缩病毒侵染植物寄主如何导致矮化的分子机制、病毒如何克服植物细胞壁的屏障进行细胞间运动、克服植物寄主抵抗病毒侵染的 RNA 沉默系统和病毒如何在体内组装的基础上的又一可喜进展。这一研究成果公布在《美国国家科学院院刊》（PNAS）杂志上。

文章的通讯作者是来自北京大学生命科学学院的李毅教授，其主持科研项目 26 个，这些项目包括国家自然科学基金重点项目、国家重大基础研究项目 973、科技部 863、国家杰出青年科学基金（B）、教育部跨世纪人才基金等项目。其中对造成我国水稻重要病害的水稻矮缩病毒(RDV)进行了系统深入地研究。发现了 RDV S6 基因编码的蛋白 Pns6 是 RDV 的细胞间运动蛋白，是该类病毒细胞间运动蛋白的首次报道；发现了水稻矮缩病毒 S10 编码的基因沉默抑制因子，这是世界上第一个植物 dsRNA 病毒编码的基因沉默抑制因子的报道；发现了该病毒在体内组装机制，这是该类病毒在体内组装的首次报道（生物通注）。

大多数动、植物病毒需要通过昆虫宿主进行传播，对于有囊膜类动物病毒侵染昆虫宿主的研究了解的较多，但是对于植物病毒，尤其是没有囊膜类病毒如何进入昆虫宿主进而起始侵染了解得很少。水稻矮缩病毒（RDV）必须通过其昆虫宿主叶蝉进行传播。明确病毒如何侵染昆虫、在昆虫宿主体内复制的过程，对于病毒防治具有非常重要的意义。早期研究发现 P2 蛋白对于 RDV 侵染昆虫宿主是必需的。李毅教授课题组通过改进的载体系统将 RDV 各个结构蛋白在昆虫细胞表面表达并通

过酸诱导处理模仿病毒进入细胞时在内含体的酸性环境进行，结果发现 RDV 基因组 S2 编码的蛋白 P2 具有膜融合蛋白功能，对 P2 蛋白的功能单位分析发现，该蛋白膜融合必须的功能单位如 N 端的融合肽，以及两个 HR 区，这些功能区对 P2 的膜融合功能是必须的。日本 Omura 教授课题组也同时发现在实验室培养的感病叶蝉细胞确实能发生膜融合现象。这一结果为进一步阐明 RDV 以及同属病毒侵染昆虫宿主机制提供了一个研究模型。这也是关于植物病毒蛋白介导昆虫宿主细胞膜融合的首次报道，对于病毒侵染细胞机制的研究具有重要意义。（生物通：万纹）

原文检索：Published online before print November 27, 2007, 10.1073/pnas.0708946104 PNAS | December 4, 2007 | vol. 104 | no. 49 | 19547-19552 The P2 capsid protein of the nonenveloped rice dwarf phytoevirus induces membrane fusion in insect host cells [Abstract]

附：李毅

男，1961 年 10 月出生。1992 年至 1994 年在北京大学生命科学学院从事博士后研究工作，1995 年被国家教委聘为高等学校理科生物学教学指导委员会成员，1997 年 10 月破格晋升为北京大学教授，1998 年批准为博士生导师。



他曾获中国科学技术发展基金会授予的茅以升青年科学技术奖、教育部科技进步二等奖、全国优秀科技图书奖,二等奖、第四届中国图书奖,提名奖、二等奖(《现代分子生物学》)、中国生物工程学会优秀论文奖、北京市教学成果二等奖、北京植物病理学会授予的优秀论文一等奖、诺维信奖教金、北京市科技进步三等奖、国家科技部 863 先进工作者等荣誉称号。

从 1992 年到北京大学工作以来,主持科研项目 26 个,这些项目包括国家自然科学基金重点项目、国家重大基础研究项目 973、科技部 863、转基因专项、国家杰出青年科学基金、国家杰出青年科学基金(B)、教育部跨世纪人才基金、洛氏基金和横向合作等项目。其中对造成我国水稻重要病害的水稻矮缩病毒(RDV)进行了系统深入地研究。发现了 RDV S6 基因编码的蛋白 Pns6 是 RDV 的细胞间运动蛋白,是该类病毒细胞间运动蛋白的首次报道;发现了水稻矮缩病毒 S10 编码的基因沉默抑制因子,这是世界上第一个植物 dsRNA 病毒编码的基因沉默抑制因子的报道;发现了该病毒在体内组装机制,这是该类病毒在体内组装的首次报道。在该研究领域中发表文章 20 多篇,其中三篇文章已发表在国际病毒学头号学术刊物 *Journal of Virology* 上,表现出了很高的水平。到目前为止他已发表文章 75 篇多,其中进入 SCI 收录的文章 30 篇。合作出版专著三本,《现代分子生物学》由高教出版社 1997.5 正式出版,该书最近已被教育部列为高等学校分子生物学基础重点教材,并获得了中国图书奖提名奖,全国优秀科技图书奖二等奖和教育部科技进步二等奖,另外两部著作《水稻病毒分子生物学》和《云南植物病毒》由科学出版社出版。除从事研究工作外,李毅同志还从事教学和研究生培

养。主讲过《分子病毒学》,《分子生物学》,参与讲授包括《植物基因工程进展》,《基因表达调控》等课程。培养硕士和博士生 20 名。另外他还是植物病理学报副主编、中国植物学会外事委员会副主任、中国微生物学会病毒专业委员会植物病毒学组组长。李毅教授热爱自己从事的科研教学工作,多年来,工作一贯非常刻苦,常常在实验室工作到深夜,节假日也经常如此,是一位非常勤奋的年青教师。他不仅工作努力,学风也很严谨,并努力通过言传身教把这些优良品质传授给他的学生们。李毅同志拥护党的三中全会以来的各项方针政策,热爱。

研究领域: (1) Focusing on the interactions between rice dwarf virus movement protein (MP) and cytoskeleton proteins (including actin and microtubule proteins) and plasmodesmata in the aspects of molecular biology and cell biology; Functional mapping of RDV MP and studying the MP mutant on the effects on virus cell-to-cell movement and mediated resistance against virus infections in transgenic plants; Cloning the host factor(s) involving in virus cell-to-cell movement and virus replication.

(2) 研究调节病毒复制的细胞调节因子。

(3) 植物基因工程

科研课题: (1). 转基因植物外源和内源基因共抑制(cosuppression)问题的研究, 国家自然科学基金项目, 1997.1-1999.12.

(2). TMV 外壳蛋白突变体对病毒粒子组装和突变体外壳蛋白介导抗性的研究, 国家科委 863 项目, 1996.1 - 2000.12.

(3). 花卉花色基因工程育种, 北大-云南合作项目, 1998-2000.

(4).花卉花期基因调控研究, 深圳市科技局资助项目, 1996-2000.

(5).水稻矮缩病毒(RDV)细胞间运动蛋白的作用机理研究, 国家自然科学基金项目, 1998.1-2000.12, .

(6).玉米矮缩病毒基因的克隆和转化, 科技部转基因专项计划, 1999-2001。

(7).Molecular Biology and cell biology of rice dwarf virus movementprotein, Rockefeller Foundation grant. 1999-2001.

Roche

罗氏应用科学部

岁末酬谢三重礼

回馈大礼

热销产品**7折**
回馈新老客户

幸运大礼

回传订单,
赢取IPOD大奖

礼上有礼

累计订单,
获赠额外礼品

详细活动信息资讯请登陆

www.ras-biosino.com

活动截止日期: 2007年12月31日

活动的最终解释权归罗氏公司

浙江大学权威杂志发表干细胞移植成果



生物通综合：心肌梗死是冠状动脉急性闭塞引起的严重而持久的心肌缺血性损伤或坏死。而干细胞移植方法则可能替代受损或坏死细胞，从而有效抚平创伤。来自浙江日报的消息，浙江大学医学院附属第二医院心血管病教授、博士生导师王建安通过将骨髓干细胞注射给老鼠心肌梗死的坏死部位，使其重新长出肌肉，从而帮助它的心脏有力地跳动。这项研究的结果发表在欧洲著名的《心胸外科》杂志上。

2002年，王建安从英国《自然》杂志上获悉，欧美等国正在开展一项“干细胞移植治疗心肌梗死疾病”的研究。他眼前一亮：每年中国心肌梗死病人超过百万，虽然可以通过心脏搭桥手术解决部分病人的心血管畅通问题，但不少心肌梗死病人的心脏肌肉却坏死，心脏功能大大受损。如果能通过干细胞移植重建心脏肌肉，无疑是一条全新的治疗途径。

王建安进行了大量前期探索，然后在国内率先将技术运用到临床上。他给数十名心肌梗死病人注射了从病人自身体内提取和培养的“骨髓间质干细胞”，几个月后，病人的心脏功能提高了5%到6%。

然而，随之而来的却是各种质疑。“因为心肌梗死病人心脏功能改善的情况不是特别明显，国外一些医学杂志也表明，移植到心脏的干细胞存活率非常低，甚至还不到1%。有人还劝我早点收手！”

承受了巨大压力的王建安冷静思索后认为，干细胞移植后心脏功能改善，说明这种方式是有效果的，关键是要解决好干细胞移植后存活率的问题。

他决定自己重新做动物实验的基础研究工作。根据以往的经验，他想到了通过转基因方式培养干细胞和在缺氧状态下培养干细胞

的途径。他在网上查阅了大量资料，当获悉美国南卡罗来纳大学一名教授在运用转基因培养干细胞方面颇有心得后，甚至专程赶往美国去请教，并每年派出一名优秀的博士生前往学习。

2007年，王建安在动物实验中发现，在缺氧状态培养下，移植到心脏的干细胞存活率竟然达到了60%，远远超出以往动物实验中不到30%的存活率，整整提高了一倍多。这个科研成果相继发表在欧美两家颇有影响的SCI杂志上。2007年，王建安又有两篇科研论文发表在《欧洲心胸外科》杂志。目前，欧美又有多家SCI杂志录用了7篇论文，准备2008年发表。

王建安，浙江大学医学院附属第二医院党委书记兼副院长，心脏中心主任，教授，主任医师，博士生导师，浙江省心血管病学重点学科带头人。先后在香港大学、美国罗马琳达大学全面学习心血管病相关知识。在浙江省内较早全面开展心血管疾病的介入性诊治工作，现为浙江省内最有经验、技术最全面的介入医生之一，擅长经皮冠状动脉腔内成形术、支架植入术、心内电生理检查与射频消融术、先天性分流性心脏病封堵术、起搏器植入术等。在全国范围内较早开展骨髓间充质干细胞(MSC)的基础研究工作，并将骨髓间充质干细胞

(MSC)移植应用于临床, 已有近百名心肌梗死、心力衰竭患者接受了髓间充质干细胞移植治疗, 取得了一定的疗效。与美国、澳大利亚、欧洲等地的知名心血管病学专家建立了定期的互访和长期的合作, 始终应用循证医学规范自己的医疗行为, 善于运用最新的研究成果指导临床实践, 力求使广大患者成为最大的受益者。现任浙江省医学会常务理事, 心电生理与起搏分会主任委员, 中华医学会心血管病学分会委员及其他十余个学会的成员, 任《心电学杂志》主编及其他 10 余本杂志的编委, 同时兼任《Circulation》、《European Heart Journal》、《AHA Journals Best Selection》三本外文期刊的中文版编委。参与并主持国家“十五”医学攻关课题, 国家自然科学基金等科研项目 10 余项, 发表论文 120 多篇, 其中 SCI 收录 10 多篇, EI 收录 2 篇, IM 收录 30 多篇, 主编书籍 3 本, 参编专著 10 余本, 获中华医学科技奖三等奖 1 项, 浙江省科技进步奖二等奖 2 项, 三等奖 1 项。(生物通雪花)

附 王建安简历

1978 年 08 月~1983 年 08 月 湖南医科大学医疗系获学士学位

1985 年 08 月~1989 年 10 月 浙江医科大学获硕士学位

1996 年 08 月~2000 年 06 月 浙江大学医学院获博士学位

1983 年 08 月~1993 年 11 月 浙江医科大学附属第二医院心内科 任住院医师、主治医师

1991 年 10 月~1992 年 10 月 香港大学医学院附属玛丽医院访问学者

1993 年 04 月~1993 年 10 月 美国罗马琳达大学心脏中心访问学者

1993 年 11 月~2005 年 07 月 浙江大学医学院附属邵逸夫医院先后任副主任医师、副教授、

主任医师、教授, 先后任科副主任、主任, 心脏中心主任、副院长

2005 年 08 月~至今 浙江大学医学院附属第二医院 党委书记兼副院长, 心脏中心主任

2001 年 12 月~至今 浙江大学医学院 博士生导师

主要学术兼职:

中华医学会心血管病学分会委员

中华医学会心电生理和起搏分会 常务委员

中国生物工程学会心脏起搏与电生理分会 委员

中国医师协会心血管内科医师分会常务委员

中华医学会心血管介入治疗培训中心学术委员会 委员

中国医药信息学会心功能学会 委员

浙江省心血管病学重点学科带头人浙江省医学会 常务理事

浙江省医学会心电生理与起搏分会 主任委员

浙江省医学会心血管病分会 副主任委员

浙江省生物医学工程学会心脏起搏技术工程专业委员会 副主任委员

浙江省医学会内科学分会 委员

浙江省医学会医疗事故技术鉴定专家库 成员
钱江晚报生命工作室智囊团专家

浙江省“新世纪 151 人才”第一层次培养人员

《the European Heart Journal Excerpts》 中文版编委

《Circulation》 中文版编委

《AHA Journals Best Selection》 中文版编委

《心电学杂志》 主编

《中华急诊医学杂志》 编委

《中华医学实践杂志》 专家编辑委员会编委

《心脑血管病防治》 编委

《临床心电学杂志》 编委

《浙江医药卫生科技》 编委

《浙江医学》 编委

哈医大实现高效培养神经干细胞



生物通综合：干细胞研究无疑是 2007 年最热门的研究领域，并且来自国内外的科研人员在干细胞基础研究和应用研究方面也取得了多想举世瞩目的重大成就。来自科学时报的消息，哈尔滨医科大学第一临床学院科研人员利用小神经球传代方法在体外培养神经干细胞，可在 10 个月时间内传代 25 代，从单一的细胞扩增至 10 万个细胞。目前，这一方法已在哈医大卫生部细胞移植重点实验室普遍应用，并已发表多篇学术论文。

临床上，脊髓损伤后的轴突再生和功能恢复仍是难以逾越的障碍，对伤者而言脊髓损伤的破坏性是严重和持久的。目前，很多学者对发育的干细胞培养和应用潜力有着浓厚的研究兴趣，因为这些细胞可以提供神经元，神经元细胞作为再生轴突的靶点，能促进神经环路的重建。

哈医大神经外科梁鹏博士，利用小神经球传代方法建立的神经干细胞体外长期培养传代系统，证实在细胞传代和诱导分化时，将干细胞增殖形成的神经球消化成小的含 10~20 个细胞的小神经球，可明显提高细胞的体外存活能力和增殖能力。利用小神经球传代方法在体外可培养神经干细胞达到 10 个月，传代 25 代，从单一的细胞可扩增至 10 万个细胞。多次传代后细胞冻存对细胞的存活力无明显影响，多向分化潜力表现出稳定性。生长曲线显示，细胞数量在经过了很多次传代后始终呈指数扩增状态，为神经干细胞的研究和移植提供了大量细胞来源。

在此基础上，课题组还成功建立了神经干细胞小神经球脊髓断端多点移植技术，利用神经球移植到大鼠横切的脊髓断端，观察截瘫恢复情况。研究发现，小神经球脊髓移植大鼠在体外和受伤大鼠脊髓内诱导分化的神经元，显著高于传统的神经干细胞悬液移植法，细胞存

活率显著增加。应用神经示踪技术，证实受伤大鼠脊髓皮质脊髓束再生，并和远端神经元之间建立了突触联系。与之相一致的是，脊髓损伤后截瘫大鼠后肢运动功能也得到了明显改善。

课题组还进一步明确了神经干细胞对脊髓损伤的修复机制。这些机制主要包括：促进受伤神经元轴突的再生延长和再髓鞘化，以及脊髓损伤后神经环路的重建；在国内外首次提出人胚神经干细胞对脊髓损伤存在与先前研究不同的修复机制，即神经干细胞在移植治疗脊髓疾病时，除了细胞替代效果外，还可通过营养支持，即细胞基质的作用，促进神经环路的再通。

脊髓损伤常常导致严重的残障。世界上脊髓损伤瘫痪病人有上千万，我国亦逾百万。据统计美国每年新增 1 万多伤病员，我国仅北京地区脊髓损伤发生率就有约 800 人/年，已成为高发伤病之一。

梁鹏，男，1972 年出生，1998 年毕业于哈尔滨医科大学临床医疗系，获硕士学位。毕业后在哈尔滨医科大学附属第一医院任医师、助教，并继续完成攻读博士和博士后学位。现为神经外科副主任医师，副教授。2005 年曾赴香港屯门医院，玛丽医院等做访问学者工作

半年。2004 年以来先后发表研究论文 12 篇，出版著作 4 部，还有两部即将出版。研究的科研成果：2003 年祸哈医大一院新技术医疗立项特等奖一项，二等奖一项；2005 年获黑龙江省卫生厅新技术三等奖两项，2006 年

获黑龙江省高等教育委员会教育成果三等奖一项，2007 年获黑龙江省科技进步一等奖一项，自然科学三等奖一项。他的《神经干细胞的突破性研究》曾经于 2002 年被中央电视台《走进科学》栏目播出。



Miltenyi Biotec
德国美天旎生物技术公司

德国美天旎生物技术公司

MACS 技术原理

MACS 标记策略

MACS 分选策略

德国美天旎生物技术公司

是一个以细胞分选技术为主、拥有多样化产品的生物技术公司。开发研制并销售世界上最先进的细胞分选、细胞生物学、相关分子生物学产品和技术，尤其在干细胞分选、DC 细胞分选与分析、细胞因子分泌细胞分选与分析、免疫治疗、再生医学方面占有极大的优势，CD133、BDCA-2 (CD303)、BDCA-4 (CD304) 单抗为我公司专利产品。

我公司总部位于德国科隆，在科隆和德国北部罗斯托克均有 cGMP 生产机构。我们的产品有免疫磁珠、特异性细胞及蛋白质或者 DNA/RNA 分选用的 MACS 分选设备、单克隆抗体、无菌溶液、基础和特殊培养基、血液/血浆治疗用的生物学吸附剂、LIFE 18 血浆分离机、流式细胞仪及相关耗材。

联系方式：

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, miltenyibiotec@china.com

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

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

MACS 标记策略

应用 MACS 技术进行磁性细胞分选最重要的一点是高质量的标记。要尽可能地增强阳性细胞的标记，并减弱背景染色。有两种基本的磁性标记方式：直接标记和间接标记。

1、直接磁性细胞标记 (Direct magnetic cell labeling)

直接标记是最快速、最特异的磁性标记方法。目前有多种分选人、小鼠、大鼠以及非人类灵长类细胞的 MACS 直标微珠可供选用。

2、间接磁性细胞标记 (Indirect magnetic cell labeling)

间接磁性细胞标记需要联合使用单克隆或者多克隆抗体和 MACS 间标微珠。未结合抗体、生物素化抗体或者荧光素标记抗体均可作为一抗标记细胞，再使用抗免疫球蛋白微珠、抗生物素或链霉亲和素微珠、抗荧光素微珠作为二抗磁性标记细胞。

几乎针对任何种系任何细胞的任何一种单抗或多抗，均可用于间接标记。间接标记主要在如下情况时选用：当没有直标磁珠时；需要用几种抗体的混合物同时分选或去除多种类型的细胞；间接标记有放大作用，因此可在磁性分选抗原表达弱的目的细胞时使用；使用自备抗体或者配体的磁珠分选中。

2007：干细胞奇迹之年



生物通报道：10月《新闻周刊》亚洲版撰写封面文章指出，如果说物理学研究主宰了整个20世纪，那么生命科学研究将主宰整个21世纪，现2007年即将结束，那么今年生命科学研究的关键词是什么呢？关注度最高的新闻人物又有哪些呢？2007生命科学十大新闻评选即将在生物通拉开帷幕，通过网友投票及专家参考意见，我们将选出2007年最受瞩目的生命科学事件，以及科技风云人物，敬请关注。

12月《时代》杂志评出了2007年十大科学发现，其中指出，两本权威期刊《Cell》及《Science》在11月20日同时刊出来自美国及日本两个研究团队的报告，证实皮肤细胞经过“基因直接重组(direct reprogramming)”后可以转化成为具有胚胎干细胞特性的细胞。这项发现一方面解决了利用胚胎进行干细胞研究的道德争议，另一方面也使得干细胞研究的来源更不受限。分属京都大学及威斯康辛大学麦迪逊分校的两个团队虽然独立研究，但使用的方法几乎完全相同，更巧合的是竟然同时分别被两本期刊审核通过，证明基因直接重组技术的确有效。他们所使用的方式都是利用病毒将四个基因送入皮肤细胞，促使普通的皮肤细胞产生变化，最后成为带有胚胎干细胞性质的细胞，称为诱导式多能性干细胞(iPS)。

同样是11月，发表在另一重要期刊《Nature》上的一篇文章发现，利用一种被称为“体细胞核移植”的技术创造胚胎干细胞，研究人员在猴子身上成功进行了试验，第一批原始胚胎已经克隆出来(所谓“体细胞移植”指的是将人体细胞的细胞核取出，将其放入一个未受孕的卵子中，最终成功孕育出一个新胚胎干细胞)。

而提前两个月，10月颁布的诺贝尔医学/生理学奖虽然颁给了在基因靶向技术领域有

杰出贡献的科学家，但是三位科学家中的一位也是由于将干细胞研究与基因重组技术结合起来而得以分享这一国际最重要的科学奖项。

再往前倒数4个月，《Nature》上的一篇文章纠正了克隆领域一个长期存在的误解。自从上个世纪80年代初所做的第一批核转移实验以来，人们普遍认为，成功的动物克隆和胚胎干细胞系生成需要将体细胞核转移进一个受精的减数分裂卵母细胞中。而这篇文章通过利用小鼠细胞所做的一系列实验证明，重组活动在受精之后还在合子(受精卵)中继续进行。这一发现对于了解核重组和克隆动物的生物学具有重要意义。他们的实验结果还表明，科学研究中实际上可以不用让妇女捐献卵母细胞，因为那些被进行人工受精的诊所放弃的受精卵、或者胚胎卵裂球也许就可以作为合适的接受细胞来生成定制的人类胚胎干细胞系。

从这些倍受关注的研究成果中，我们不难看出2007年干细胞研究的关键词就是绕道而行，避开谴责，总结以上的成就其实今年干细胞研究最大突破就是在不破坏细胞胚胎的前提下提取可以复制成器官或组织的细胞。

在上世纪50年代，科学家就发现移植含有造血干细胞的骨髓，可以治疗血液系统疾病。但是像造血干细胞这种成体干细胞，通常

只能分化为某一特定组织的细胞,因此在医学应用上仍然有着很大的限制。

胚胎干细胞(ES)的出现,则为人类带来了新的希望。这种被俗称为“万能细胞”

(universal cell)的细胞,从理论上讲,可分化为人体220种细胞中的任何一种,并发育为相应组织器官,从而用来治疗组织器官缺损或功能障碍等疾病。

早在1998年,作为胚胎干细胞研究的先驱之一,威斯康星大学的汤姆森教授和霍普金斯大学(Johns Hopkins)的约翰·吉尔哈特

(John Gearhart),就分别利用试管婴儿诊所剩余的胚胎和流产胎儿组织,成功地分离出胚胎干细胞并成功建立细胞系。此后近十年的时间内,胚胎干细胞的研究一直是国际医学界的宠儿。

然而,如果将这类外来的胚胎干细胞应用于临床,仍然会遇到和器官移植一样的问题——患者会产生免疫排斥反应。为解决这一难题,科学家们只得走上了另一条荆棘之路——“治疗性克隆”(therapeutic cloning)。即通过体细胞核移植技术,从患者身上取出体细胞,将其细胞核植入去核的供体卵母细胞,从而获得早期人类胚胎,然后再从中培育“患者自身的”胚胎干细胞供医学临床使用。

不过,由于提取胚胎干细胞需要借助胚胎并会破坏胚胎,因此在美国、德国等国家,都引发了持续而广泛的政治和伦理争议。在很多人看来,哪怕只有数天的胚胎,也都已经具备了生命的内涵。

在技术上,科学家们试图克隆人类甚至其他灵长类动物的努力,也遭遇到很多之前没有预料到的巨大困难:其成功率与克隆牛、羊等相比要低得多。因此,2004年韩国首尔大学

黄禹锡教授为首的团队在《Science》杂志上宣布成功克隆出人类胚胎曾引起巨大轰动。但不幸的是,后来这一成果被证实存在造假行为。

直到今年,研究人员才终于在克隆人类胚胎的道路上迈出了重要一步。他们的方法是,诱使这些细胞忘记各自目前的身份,记起它们当初在胚胎里时所扮的角色。换句话说,研究人员让这些细胞变回到原来的干细胞状态。具体做法是:研究人员借助逆转录酶病毒为载体,把4种基因注入皮肤细胞。这些特定基因能够“重组”皮肤细胞的基因,从而得到特定类型的人体干细胞。不过,两个研究小组利用的基因“鸡尾酒”有所不同。美国研究人员选择了一个28种基因组合,日本研究人员则选择了4种基因。这两种方法得出的结果一样。他们都成功地把普通人体皮肤细胞改造成干细胞。从理论上说,这种干细胞的功能类似通过胚胎克隆技术取得的胚胎干细胞,能够最终培育成人体组织或器官。由于这种干细胞能通过基因组合控制,因此有“万能细胞”、“变色龙细胞”之称。而据专家分析,与京都大学的方法比较起来,美国研究人员使用的方法可能更略胜一筹,因为副作用更小一些。

然而,许多科学家们都要犹豫在人类进行这项研究,因为这需要妇女经受一个具有健康风险的不适过程,总而言之,虽然研究团队利用304个卵细胞获得了两个原代胚胎干细胞系,但研究人员仍然不知道这一特例的成功与其它大部分的失败的关键区分是什么,因此也许要建立人类胚胎干细胞系也需要相似数量的卵细胞。尽管如此,许多科学家认为利用这种方法生产人类干细胞前途光明,也许未来的某天我们就可以摆脱伦理限制,利用干细胞为人类做更多贡献。(生物通:张迪)

07 盘点： 关键技术突破带来基因研究飞跃

生物通报道：10月《新闻周刊》亚洲版撰写封面文章指出，如果说物理学研究主宰了整个20世纪，那么生命科学研究将主宰整个21世纪，现2007年即将结束，那么今年生命科学研究的关键词是什么呢？关注度最高的新闻人物又有哪些呢？2007生命科学十大新闻评选即将在生物通拉开帷幕，通过网友投票及专家参考意见，我们将选出2007年最受瞩目的生命科学事件，以及科技风云人物，敬请关注。

近年来，对人类本身进行探索的基因研究成为全球的科研热点，各种新成果层出不穷。10月8日，瑞典卡罗林斯卡医学院宣布，将2007年诺贝尔生理学或医学奖授予美国人马里奥·卡佩基、奥利弗·史密斯和英国人马丁·埃文斯，因为他们在改造活体内特定基因的“基因靶向”技术等方面做出了奠基性贡献。去年，两位美国科学家因为发现RNA干扰机制而获得当年度的诺贝尔生理学或医学奖。因此也或许正如《新闻周刊》提到的：2007年，正是基因研究的奇迹之年。

其中最值得关注的方向之一就是2007年科学家找到大量常见疾病的基因根源。就像美国《科学》杂志宣告的，寻找致病基因的研究开始进入“收网期”，“经过多年误打误撞后，基因猎手们感到自己终于包围了猎物。今年春天他们向前猛冲，因为他们一次次地发现，一种新的策略能够令他们甄别人类常见病背后的基因变异”。《自然》也表示，“发现致病基因的竞赛达到白热化程度。”

过去一两年中，有关I型和II型糖尿病、精神分裂症、抑郁症、肠炎、青光眼、肥胖、风湿性关节炎、高血压、冠心病、乳腺癌、肠癌和前列腺癌等常见疾病致病机理的研究成果大量涌现，其速度是生命科学历史上前所未有的。

这些研究成果的得来并不是没有印记的，技术突破是催生这一局面的主要原因。全基因组关联分析方法、基因芯片技术的进展以及基因测序成本直线下降等，都使科学家拥有了更为强大的猎捕疾病根源工具，导致近年来相关研究成果如雨后春笋般涌现。

《自然》子刊《自然遗传学》杂志网站上，编辑们曾向遗传学家提出了2007年“年度问题”：如果人类基因组测序费用降至1000美元，那将意味着什么？编辑们说，随着新技术的应用，人类基因组测序费用降至1000美元已经不是能不能、而是什么时候的问题了。

这样的问题在4年前还难以设想。2003年完成的人类基因组计划用了13年时间，耗费30亿美元。而今年5月，DNA（脱氧核糖核酸）双螺旋结构发现者之一的詹姆斯·沃森成为世界上拥有个体基因组图谱的第一人，“破译”他的基因组只用了2个月时间，耗费100万美元。按照这种速度，也许个性化医疗的时代不再遥远。到那时，医生将可通过分析你的基因组图谱，为你设计个性化医疗方案。一种最乐观的预测认为，这也许只要10年就能变为现实。

今年十月，来自美、加、中、日、英以及尼日利亚六国的研究人员组成的国际人类基



基因组单体型图谱协会 (International HapMap Consortium) 在 10 月 18 日出版的《自然》杂志上发表了两篇论文,宣告第二代人类遗传变异单体型图 (Phase II HapMap) 正式出炉,第一阶段的人类遗传变异图谱于 2005 年底公布。这张图谱上的基因标记数量约为前一图谱的三倍。该成果将为常见人类疾病研究注入强大动力,同时也有望带来更多关于环境因素塑造人类基因组的认识。(具体见[第二代人类遗传变异单体型图出炉](#))

《新闻周刊》评论称,这些发现只是一场真正的概念和技术层面革命的序曲。就像物理学研究的成果震惊了整个 20 世纪,生命科学

将在整个 21 世纪持续震撼这个世界。不出几年,医生或许就可以通过对你的个人基因组的电脑分析得出关于你健康前景的详细描述。而一种被称为 RNA 干扰素的新技术或许也可以让医生控制你的 DNA“表达”方式,帮助你绕开潜在的健康陷阱。同样不需要很多年,困扰人类无数代的许多顽症如阿尔茨海默症、帕金森症、癌症和心脏病或许都将通过 DNA 技术被根除。如果这样的推论显得太过乐观,那么想想天花和脊髓灰质炎消失就可以了。在天花和脊髓灰质炎令人类无计可施的时代,人们同样从未想到过有一天医学的发展能彻底扫除这些疾病。(生物通:张迪)



GIBCO® 液体培养基

GIBCO® 液体培养基

国内生产,为用户带来更多实惠

- GIBCO®, 品质保证
- 便捷使用, 快速到货
- 省时经济, 实惠价格



更多产品信息请访问 www.invitrogen.com.cn
 全国免费技术热线 800-820-8181* 2

Invitrogen 公司北京办事处: +86-10-5808 5888
 Invitrogen 公司上海办事处: +86-21-6145 2000
 Invitrogen 公司广州办事处: +86-20-8923 2499

由Invitrogen委托 生物通 设计制作

2007 中国科学家突出成就



生物通报道：10月《新闻周刊》亚洲版撰写封面文章指出，如果说物理学研究主宰了整个20世纪，那么生命科学研究将主宰整个21世纪，现2007年即将结束，那么今年生命科学研究的关键词是什么呢？关注度最高的新闻人物又有哪些呢？2007生命科学十大新闻评选即将在生物通拉开帷幕，通过网友投票及专家参考意见，我们将选出2007年最受瞩目的生命科学事件，以及科技风云人物，敬请关注。

作为生命科学研究团队的一个重要组成部分，中国科学家们在2007年也硕果累累，除了在古脊椎动物研究上的突破进展（被《时代》评为十分科学发现之一），我国科学家在分子、细胞以及免疫学等多个领域都取得了重要成就。并且在今年6月，权威科学期刊《自然》推出了“自然中国”的网络出版物，用以提高中国优秀科研论文的国际影响力，也证明了中国科学研究正在一步步走向世界。

在基础研究方面，首先值得一提的是神经科学研究，在2007年，中科院神经所在所长蒲慕明博士的带领下发展迅猛，研究成果屡登国际权威杂志。蒲慕明博士本人就连续在权威期刊《Cell》上发表了两篇文章，一篇文章发现一种长距离的细胞内信号传递过程可以协调神经细胞的不同部位对外界导向信号的反应，从而指导高度极性的神经细胞定向迁移过程；后一篇文章则指出两种上皮极性关键蛋白：LKB1和STRAD在神经细胞极性形成过程中的重要作用。

除此之外，中科院神经所丁玉强研究员与美国乔治亚医学院熊文诚实验室通过合作研究，发现了Netrin发挥作用的新途径。他们发现一种称为Myosin X的肌凝蛋白可与Netrin受体DCC的胞内段结合，并将DCC牵引至生长中神经轴突的尖端，进而感受Netrin

的作用。在体和离体的试验证据均表明破坏这种结合可导致Netrin诱导的轴突生长和投射障碍。这项合作研究结果在1月21号在线发表在《Nature Cell Biology》。

同时丁玉强研究员也带领其研究小组1月15日即将出版的《Development》杂志上发表了神经发育研究组关于发育早期中脑和后脑发育的最新研究成果。研究发现一种称为Lmx1b的转录因子在胚胎早期中脑和小脑发育过程中起着重要的作用。Lmx1b基因缺失的小鼠中脑和小脑发育不全，他们进一步的研究阐明了发生这一缺陷的分子机制。表达在菱脑峡的Lmx1b基因，控制菱脑峡内诱导分子Fgf8初始表达以及Wnt1和其他相关基因（Pax2、Gbx2和En1/En2）表达的维持，从而达到控制中脑和小脑发育的作用。

另外在癫痫病的机制研究方面，熊志奇研究组发现了NMDA受体NR2A亚基在癫痫病产生中的作用：NMDA受体的两种不同亚基NR2A和NR2B介导细胞内不同信号的通路，对脑源性神经营养因子(BDNF)的表达和细胞外信号调节激酶1/2(ERK1/2)磷酸化的激活有不同的作用。即选择性抑制NMDA受体的NR2A亚基能降低BDNF mRNA的表达，选择性抑制NMDA受体的NR2B亚基能降低ERK1/2磷酸化。研究工作发表于2007年1

月 18 日出版的《Journal of Neuroscience》杂志上。

之后在《Science》杂志上，郭爱克教授领导的研究小组发表了蕈形体多巴胺神经系统环路是果蝇行为选择中的关键元件的成果，为进一步揭示神经系统行为选择神经环路机制提出了新的思路。

除了神经学研究方面的成就，在蛋白质组学，细胞周期调控，miRNA 研究等各个基础研究领域，中国科学家都取得了不错的成就。譬如吉林大学的赵雪俭教授证明了 RNA 干扰方法减弱 *S. typhimurium* 也许是一种治疗初级和转移企癌症中最有效的方法，这为肿瘤生长抑制，Stat3 信号转导物和转录激活物的研究提出了新思路。这一研究成果公布在美国癌症研究学会出版的，癌症研究领域中最有影响的刊物《Cancer Research》。

在古生物学方面，我国科学家更是发表了一个又一个突破性的成果，今年 6 月，中国科学院古脊椎动物与古人类研究所专家于 6 月 13 日宣布，经研究确认，在内蒙古自治区二

连浩特市发现的一具巨型兽脚类化石是当今世界上最大的似鸟恐龙化石。古脊椎所研究员徐星介绍，这具化石是我国科学家于 2005 年在内蒙古二连盆地大约 8000 万年前沉积的岩石中发现的，体长约 8 米，站立高度超过 5 米，体形可与著名的暴龙类相比。中国科学院与内蒙古自治区国土资源局的学者经过两年的联合研究得出结论，这具化石属于鸟类的近亲——窃蛋龙类，而且是一种处于过渡类型的窃蛋龙，专家最终将其命名为二连巨盗龙。这是当今世界上最大似鸟恐龙化石。

另外今年 10 月，云南大学与英国莱斯特大学等合作，对一些保存完整的化石的精细分析入手，阐述了一个直接与早期生命进化相关的问题。这一研究成果也发表在了《自然》上。

这些种种研究进展都表明中国生命科学研究正在迅猛发展，政府对于这一领域的投入，以及各在外学成归来的学子们都是这些发展的有利推动力量，希望在 2008 年中国生命科学研究能百尺竿头，再进一步。（生物通：张迪）

2007 赛默飞世尔中国生物实验室安全

调查

主办单位：



媒体支持：腾讯科技

协办单位：

ThermoFisher
SCIENTIFIC

关注生命
关注实验室安全性

《遗传》
《中国生物工程杂志》
《生命世界》



2007 生命科学事件之最



生物通报道：10月《新闻周刊》亚洲版撰写封面文章指出，如果说物理学研究主宰了整个20世纪，那么生命科学研究将主宰整个21世纪，现2007年即将结束，那么今年生命科学研究的关键词是什么呢？关注度最高的新闻人物又有哪些呢？2007生命科学十大新闻评选即将在生物通拉开帷幕，通过网友投票及专家参考意见，我们将选出2007年最受瞩目的生命科学事件，以及科技风云人物，敬请关注。

“之最”一向都代表着这一领域内值得关注和研究的方面，2007年生命科学研究领域之最有哪些呢：

成果类:聚焦《科学》重点文章:令人吃惊的最古老DNA

来自加州大学伯克利分校,美国能源部基因研究所(U.S. Department of Energy Joint Genome Institute-- DOE JGI),挪威卑尔根大学等处的研究人员发现地球上最古老的动物物种之一:海洋海葵的基因组与脊椎动物的基因组存在令人惊讶的相似性。

而且这一研究也发现这种相似性在果蝇,以及线虫类基因组中并不存在,这与之前普遍认为的生物体是通过进化变得更加复杂的理论相悖。这些发现说明远古动物基因组是相当复杂的,果蝇和线虫类基因组在进化过程中丢失了一部分这种复杂性。

世界上最毒的生物基因组测序完成

来自英国剑桥大学韦尔科姆基金会桑格学院(Wellcome Trust Sanger Institute)的研究人员报道了肉毒杆菌(Clostridium botulinum)的测序结果,并提出C. botulinum并没有什么精巧的技巧避开人类的防御系统,或者对抗抗生素的方法,它们只是作为一个休眠孢子(dormant spore)或者土壤中的腐烂动

物的清道夫生存着,与人类或者其它大型动物宿主并不相互影响。这一研究成果公布在《Genome Research》杂志上。

权威杂志封面:我国发现迄今最古老动物

我国古生物学家与美国专家近日对在贵州瓮安发现的胚胎化石研究认为,这个距今约6亿年的动物胚胎化石可能是迄今发现的最古老动物。

国际著名刊物Geology最新出版的2007年第二期以封面论文的形式,刊登了由中国科学院南京地质与古生物研究所专家与美国阿莫斯特学院专家共同完成的科研论文:《陡山沱化石库中珍稀的具螺旋构造的球状化石:埃迪卡拉纪动物胚胎已成年?》。

世界上年龄最大的动物

今年10月,威尔士班戈大学研究人员在冰岛北部海岸的一个海架上捕捞时,无意间发现了一只405岁的蛤蜊,据信,这只蛤蜊就是世界上年龄最大的活动物。严格地说,当时它真的还活着,但为了对壳上的环进行研究以确定它的年龄,研究人员不得不将这只蛤蜊杀死。蛤蜊家族中的Arctica Atlantica尤其擅长长寿之道,它们一般能活到200岁到300岁,由于在水下262英尺的沙子中“定居”,这个特殊的家族成员得以生存更长时间。当这只“老

寿星”第一次在这里“定居”时，莎士比亚的大作《哈姆雷特》正式登陆环球剧场，英国人则开始北美洲安营扎寨。

技术类:

[最强扫描能力的医用核磁共振成像仪](#)

美国伊利诺伊大学芝加哥分校的研究人员 12 月 4 号宣布，他们研制的高强度的核磁共振成像仪已经完成了安全测试，即将投入临床使用。这将是世界上扫描能力最强的医用核磁共振成像设备。这一成果公布在《Journal of Magnetic Resonance Imaging》杂志上。

根据美国食品和药物管理局的规定，此类设备投入使用前必须进行严格的人体安全测试。研究人员在《核磁共振杂志》上报告说，测试证明，这种强度高达 9.4 特斯拉的扫描仪对于人体是安全的。与目前核磁共振成像仪利用水分子追踪扫描不同，这一高强度的仪器借助的是钠离子。

[世界最小分子剪刀问世：仅三纳米长（图）](#)

东京大学研究人员最近研制出一种根据光，进行开、合的分子尺度剪刀（molecular-scale scissors），据研究人员说这是首个利用光进行机械操作的分子设计。

研究小组负责人 Takuzo Aida 博士说，这种剪刀只有 3 纳米长，小到足以向细胞中传递药物或操纵基因等生物分子，化学家和生物学

家也可以利用这种剪刀精确控制蛋白的活性。Aida 将此技术公布在第 233 届美国化学协会年会上。

[美研制出细胞内最大纳米穹隆体模型](#)

美国加州纳米系统研究院、加州大学大卫·格芬医学院和霍华德·休斯医学院，采用分子工程技术，研制出细胞内最大粒子穹隆体结构模型。利用这种结构，可研制出一种灵活的、靶向纳米胶囊作为药物治疗的运输载体。相关研究结果发表在近期出版的《公共科学图书馆·生物学》杂志上。

[《自然》子刊：最强荧光蛋白](#)

来自莫斯科的研究人员培育出一种深红色的荧光蛋白质，这种蛋白质发出的光穿透性极强，即使蛋白质位于小动物体内深处，其发出的光也可穿透生物体被外界看到，这使生物学家能够更方便地监视活生物体的发病和康复过程，而不用侵入式地进行研究。这一最新研究成果公布在《Nature Methods》在线版上。

[《自然》重大技术突破：世界最薄的膜](#)

德国马克斯·普朗克的科学家最近创造出的一种碳膜只有一个原子的厚度。对于电子来说，这种膜几乎是完全透明的。利用一种电子显微镜，研究人员甚至能够分析吸附在这种膜上的单个分子，并成像复杂生物分子的原子结构。这种超薄的膜还可用于过滤气体。这项研究的结果刊登在 2007 年 3 月 1 日的《自然》杂志上。（生物通：张迪）

科学怪人 Craig Venter

生物通综合：美国洛克菲勒 J. Craig Venter 研究所的 Craig Venter 等人在今年的《科学》杂志上宣布，将人工合成的染色体植入了细菌细胞，得到表达人工染色体的新支原体，他们将其命名为实验室支原体(Mycoplasma laboratorium)。负责该项研究的 Venter 在美国学界素以“科学怪人(Bad boy of Science)”闻名。

在过去的几年里，Venter 和同事确定出，一种最小的基因组至少需要含有 400 个基因来维持一个自由生活的细胞。他们通过系统地敲除简单细菌 *Mycoplasma genitalium* (一种通过性传播、感染人类的寄生虫) 的基因达到了。

Venter 希望能够利用构成 DNA 的核苷化学合成这个基因组（生命必须基因组），然后将它放入一个细菌细胞中。达到这个目标需要一种替换能用合成的基因组替换掉 *Mycoplasma* 基因组的技术。这项新的研究证实这种基因组的移植是有可能的。

Venter 的研究组尝试将 *Mycoplasma mycoides* 的基因组转移到一个同类病菌 *M. capricolum* 中。这两种细菌都能感染山羊、绵羊和牛。依据它们合成的蛋白质，最终得到的这些细胞似乎已经完全变成了 *M. mycoides* 种。由于 *Mycoplasma* 细胞太小，很难利用机械方法来操作，因此研究人员不得不设计很费事的化学和物理方法来从一种细菌中提取基因组并将其引入到另外一种细菌中。这个过程说起来很容易，但实际操作起来则非常复杂。

Venter 之前因希望能够为他的最小基因组申请专利而引发争议，他表示一旦完成了基因组的准备工作，则这项移植技术将会使他们能在很短的时间里合成第一个细菌。他表示，这个过程大概需要数周或数月。

事实上，Venter 曾对人类基因组计划的完成作出过重大贡献。1990 年，来自法国、德国、日本、中国等六国的科学家组成了一个多国合作小组开展人类 DNA 测序工作以揭开人类基因组之谜。最初他们希望 2005 年前能够获得人类 DNA 序列的图谱，但是到 1997 年，在耗费了巨额资金和一半预定时间之后，多国合作小组仅完成了 3% 的测序工作。

与此同时，遗传生物学家 Craig Venter 博士，创立了一个名为“Celera Genomics”的风险投资公司并宣称他将在无政府投资条件下早于多国合作小组完成人类基因组计划。就在 1991 年，Craig Venter 开发出新的测序技术。Celera 采用了如“散弹枪”等一系列新的方法并很快真的追上了多国合作小组。看到自己即将失利，多国合作小组在美国总统克林顿的撮合下开始与 Celera 合作，在 2000 年 6 月完成了 90%，2001 年初完成了 99% 的人类基因组草图。有意思的是多国合作小组在英国的自然 (Nature) 上而 Celera 在美国的科学 (Science) 上各自独立的在同一周发表论文，在 2001 年 2 月 12 日的记者招待会上联合宣布人类基因组测序工作的完成。

也许是出于政治原因，两大权威科学杂志均在没有 100% 检验并证实结论的情况下刊登了他们的论文，而且两个小组由于竞争关于统一课题的成果都没有做足够的方差检验。



事实上他们的成果中大概有 0.14%(大约 400 万碱基对)序列差异, 还需更完整的检验。

多国合作小组将 30 亿碱基对切成几个细菌人工染色体(BAC)片断, 然后切成更短的片断以便使用碱基序列分析仪。普通 BAC 含有约 150,000 碱基对, 这就是说 200,000 个 BAC 就可以足够包含全人类基因组。理论上说 200,000 个 BAC 足够了, 但事实上他们使用了 300,000 个 BAC。因为 DNA 自动测序仪可一次读取约 500 碱基。他们随机截取 BAC 克隆体并读取首端和末端各 500 个碱基, 然后组合得到大于 1000 碱基的全序列。通过比较重叠的片断, 连接然后重建序列。多国合作小组通过分析 5800 万碱基的重叠读取了 230 亿碱基对序列, 这是人类基因组的八倍。99%草图有

400,000 个片断。其余的 1%是将这些片断连接以及 24 条染色体(22 对和 X,Y), 尚待后续工作。

而 Craig Venter 带领的 Celera 研究组的进展略有不同。他没有使用 BAC 克隆体而是将全基因组随机切成几千万片断, 读取每一片段的序列然后拼接它们。尽管看上去更直接, 由于要比较几千万个序列信息并找到重叠部分, 这项工作需要大量的计算机工作。为解决这个问题 Celera 的合作者们发明了高效的生物信息学(Bioinformatics)运算法则, 从而得以短期内赶上多国合作小组的工作。(生物通编者 雪花)

2007 年生命科学十大新闻暨年度人物评选活动即将拉开帷幕, 敬请关注参与。



Promega 2007
中文目录免费索取!
Precision Design...for Life

从一个全新的角度看蜘蛛!
这张照片是蜘蛛吐丝的真实写照, 超乎想象, 叹为观止!
更有意思的是, 用于捕捉猎物的蛛丝与牵引蜘蛛身体移动的蛛丝是截然不同的!

尊敬的客户:

为了方便您的查询, 为您的研究工作提供更多的便利, 为您节省更多宝贵的时间, 普洛麦格(北京)生物技术有限公司在2007年隆重推出中文版目录。即日起, 您可以向[Promega各地代理商](#)索取, 或下载[申请表](#)直接向我公司索取。我们会在第一时间将目录送到您的手中。

另外我们还为您提供[在线英文目录](#), 您可以根据需要自由选择。

更多Promega技术资料 and 最新的市场活动, 敬请浏览:www.promega.com.cn.

2007 新闻盘点：克隆与生殖研究



生物通编者按：在即将过去的 2007 年里，总有一些你记忆深刻、甚至终身难忘的事情。生命科学领域亦是如此。哪些科研成果是 2007 年最重大、影响最深远的研究成果？哪些人是 2007 年里最受关注、做出巨大贡献、影响最大的年度风云人物呢？“2007 年生命科学领域十大新闻暨年度人物评选”活动即将拉开帷幕。生物通将和您一起总结 2007 成果、展望 2008 研究热点、把握未来科研动向！

2007 年里，生殖与动植物克隆研究取得了多项重要成果。世界首例实验室成熟卵子治疗不孕获得成功；美国科研人员成功克隆雄性基因组，而人工复制的雄性基因组则可帮助产精子量极少的男性如愿以偿地当上爸爸……

另外，动植物克隆研究也获得了突破性进展。美国的研究人员在 2007 年成功克隆了猴子胚胎，韩国克隆狼诞生并引起风波不断……

世界首例实验室成熟卵子治不孕获成功

来自加拿大的研究人员宣布说，由实验室中培养成熟并冷冻的卵子产生的首个试管婴儿已经在加拿大诞生。这项重大突破为患有癌症和其他不适合进行标准的 IVF 治疗的妇女带来了希望。

这个婴儿目前成长良好，目前还有三名妇女利用相同的方法怀孕。传统的试管婴儿（IVF）技术利用高剂量、昂贵的激素药物来刺激卵巢以产生成熟的卵。

诞生一些希望能够保住她们生育能力的患病妇女则可能没有足够的时间来进行这种刺激卵巢的治疗，或者这种做法可能对其造成危险。对这些患者来说，在实验室中成熟卵子（即体外成熟）具有重要意义。此前，研究人员从未冷冻、解冻并受精一个实验室中成熟的卵子。这种多步骤过程的成功对增加生育治疗

的灵活性具有重要意义。

这名女婴的母亲身患多囊性卵巢综合症（polycystic ovarian syndrome），如果医生按照常规治疗手段给她注射荷尔蒙刺激卵子发育，她的卵巢有可能会受到过度的刺激。因此，加拿大蒙特利尔市麦吉尔生殖中心（McGill Reproductive Centre in Montreal）的 Hananel Holzer 等人将该妇女未成熟的卵子从卵巢中移出，并在实验室中用荷尔蒙刺激至成熟，成熟的卵子被冷冻一段时间后在需要的时候被解冻。

该项技术有可能为广大身患癌症比如乳腺癌的妇女带来希望，因为注射荷尔蒙有可能加重她们的病情。为了提高成功率，尝试试管婴儿的妇女一般要注射荷尔蒙以刺激卵巢排出更多成熟的卵子，进而得到更多的晶胚。

康奈尔成功克隆雄性基因组

来自美国康奈尔大学 Weill 医学院的 Takumi Takeuchi 教授在第 23 届欧洲人类生殖和胚胎学协会年会上报告说，人工复制的雄性基因组可能帮助产精子量极少的男性如愿以偿地当上爸爸。Takeuchi 教授带领的研究组通过小鼠实验证实，这种人工复制产生的后代与克隆的动物异常一致。

当丈夫从产生的精子出现问题时，医生需

要找到一个有生育能力的精子注射到卵中。这样的精子才能让夫妇如愿以偿地怀孕。

Takeuchi 教授表示,如果我们能够人工增殖这种精子,即维持它的正常染色体组成、授精和参与整个胚胎发育过程的能力,那么我们就能够提高许多有生育困难的夫妇怀孕的几率,并因此增加开始妊娠的机会。

Takeuchi 教授的研究组将一个健康的小鼠精子注射进一个已经剔除细胞核的小鼠卵细胞中,并通过这种方法克隆出雄性基因组。这个过程在大多数情况下进行的很顺利,并且精子基因组与它的起源精子的染色体等同性超过 80%。形成的这种细胞与一个之前用化学方法活化的卵融合。

这些细胞具有来自双亲的染色体。当这些细胞发育到胚泡阶段即每个初期胚胎含有大约 70 到 100 个细胞,研究人员将胚泡转移到六只待孕小鼠中。到目前为止,4 个后代已经长成了正常的成年小鼠。该研究证实,复制雄性基因组是有可能的,并且这样的一个克隆基因组能够发育形成正常的个体。

韩国“克隆狼”真实性受调查

曾因干细胞克隆成果和造假风波而家喻户晓的韩国科学家黄禹锡的原研究团队成员李柄千教授和申南植领导的研究小组今年 3 月 26 日宣布,他们成功克隆出两头雌性灰狼,并已存活 17 个月,体重分别从出生时的

430 克和 530 克增至 20 公斤左右。论文刊登在 3 月出版的国际学术杂志《克隆与干细胞》上。李柄千教授颇有替代黄禹锡“明星”地位的架势,但讽刺的是,他或许也同时继承了夸大造假、急功近利的特质。

自新华网消息,韩国首尔大学 9 日说,该大学已开始调查李柄千等人“克隆狼”研究成果的真实性。韩国联合通讯社 9 日报道说,由于有人提出,克隆狼论文中的一些数据涉嫌编造,以使实验的克隆成功率大大超出真实水平,加上在对克隆狼和代孕实验狗的碱基序列进行分析的“表 2”中也出现错误,首尔大学决定展开调查。

首尔大学说,实验涉及的克隆狼和狗的血清已被提取,因此不必担心有人销毁证据或更改数据等。此外,李柄千教授的实验室目前并没有关闭。

另据报道,李柄千已要求在《克隆与干细胞》杂志上发表更正,但否认篡改数据以夸大研究成果。接下来,生物通将会继续关注事态的进一步发展。

美国科学家成功克隆猴子胚胎

英国《独立报》报道,克隆技术有了新突破,美国科学家成功克隆出猴子胚胎。在物种分类上,猴子与人类同属灵长类。这一突破将使人体克隆的可能性增大,而有关克隆人伦理的讨论也可能进一步升级。(生物通雪花)

【买Elisa试剂盒,送1GU盘】

促销内容: 凡一次性购买Jingmei分装或Biosource Elisa 试剂盒两个,即可送**1G** U盘一个。多买多送,送完即止。

促销时间: 2007.11.26 - 2007.12.31

促销编号: CX071201B&J

2007 新闻盘点之蛋白质组学



生物通报道：在即将过去的 2007 年里，总有一些你记忆深刻、甚至终身难忘的事情。生命科学研究领域亦是如此。哪些科研成果是 2007 年最重大、影响最深远的研究成果？哪些人是 2007 年里最受关注、作出巨大贡献、影响最大的年度风云人物呢？“2007 年生命科学领域十大新闻暨年度人物评选”活动即将拉开帷幕。生物通将和您一起总结 2007 成果、展望 2008 研究热点、把握未来科研动向！

随着人类基因组计划的实施和推进，生命科学研究已进入了后基因组时代。在这个时代，生命科学的主要研究对象是功能基因组学，包括结构基因组研究和蛋白质组研究等。2007 年里，蛋白质组学研究获得了多个“第一”，取得了令人瞩目的成果。而这些新成果必将对了解生物大分子的作用机制和提高人类健康水平产生深远影响。

[第一个蛋白质动态图谱出炉](#)

来自西班牙巴塞罗那医药研究所、巴塞罗那超级计算中心生命科学组和巴塞罗那国家生物信息学研究所国际权威杂志《美国科学院院刊》上公布了蛋白质动态行为的一个“临时”图谱。蛋白质决定着细胞的结构和形状，并且驱动细胞所有的关键过程。所有蛋白质都根据相同的过程执行它们的功能，即与其他分子结合。

研究人员破译的这张图谱展现出了蛋白质如何能移动并形成复合体。该图谱将能够帮助研究人员了解分子的基本功能，以及它们在功能出错时发生了什么。这个图谱也为新药设计提供了巨大的可能性。

这项研究的目的是确定一种非常典型的蛋白质类型的动态特征图谱。研究包括观察张开蛋白质弹性的基本规则，从而使研究人员能

够预测这些蛋白质根据它的配基或修饰来形成的结构。

[第一张人类器官蛋白质组图谱](#)

我国“人类蛋白质组计划”有望实现肝癌诊治突破性进展。该计划实施 3 年来，围绕人类肝脏蛋白质组的表达谱等九大科研任务，我国科学家成功测定出 6788 个高可信度的中国成人肝脏蛋白质，系统构建了国际上第一张人类器官蛋白质组“蓝图”；发现了包含 1000 余个“蛋白质-蛋白质”相互作用的网络图；建立了 2000 余株蛋白质抗体，并将有望用一种与电脑连接的生物芯片，通过验血方式，准确地找出各类肝炎及肝癌的致病原因，既减轻诊断痛苦，又能做到对症下药。

新蛋白质组学方法引领蛋白功能研究革命

来自 IRCM (Institut de recherches cliniques de Montreal) 的研究人员在 7 月 20 日的 *Molecular Cell* 杂志上发布的一篇文章描述了一种强大的蛋白质组学方法，该方法可能对我们目前了解人类蛋白质组和个体蛋白功能产生深远影响。

在这项研究中，研究人员利用蛋白质本身固有的特性开发出一种用于推断蛋白质功能的方法。Montreal 研究组利用的这种独特的蛋

白质特征就是蛋白质很少能单独起作用,而是与其他蛋白质装配成复合体来执行它们的功能。

IRCM 的研究人员的策略主要是利用先进的蛋白质组学研究技术和他们自行开发的计算机运算方法,确定出许多已知功能蛋白质的相互作用伙伴。研究人员最初猜测相互作用的蛋白质可能是相同生物途径中的伙伴,并且可能具有相似或相关的功能。

通过系统地确定出 32 个已知在基因转录

和 DNA 加工过程中起到特定作用的人类蛋白质的相互作用的同伴,该研究组已经构建出了连接 436 个不同蛋白质的 805 个高度确定的相互作用。

在这些蛋白当中,许多已经知道功能的蛋白质能够根据它们的相互关系来正确推出它们的功能。为了证实物理上相互作用的蛋白还在功能上具有相关性,研究人员选择了这个网络中一些之前未知功能的蛋白质来进行更详细的功能分析。(生物通雪花)



Biomarker Discovery SELDI System

Now Powered by Bio-Rad Laboratories

ProteinChip SELDI系统用于从大量复杂生物学样品中快速获得蛋白质分子量图谱,发现Biomarker。它使用表面增强的激光解吸离子(Surface Enhanced Laser Desorption/Ionization)技术来捕获、检测和测量复杂生物样品中的肽段和蛋白质的分子量。

蛋白质芯片所独特拥有的化学修饰表面使得该技术能够与其他基于分子量的分析系统相区别。SELDI技术提供了一系列进行不同表面修饰的芯片,从而获得基于芯片性质的谱图——把选择性吸附、洗脱和肽段与蛋白质分析这些步骤整合到了一个简单的平台上。复杂的生物样品,如血清、细胞裂解液等,可以直接上样到芯片表面,被不同化学修饰的芯片表面所捕获的不同蛋白质可以进入随后的飞行时间质谱分析。

SELDI蛋白质芯片系统实现了来自小样本的基于芯片的蛋白质和肽段图谱与一个能够用于高通量分析的平台的一体化。



- ◆ [SELDI系统的实验流程](#)
- ◆ [SELDI系统的特征和优点](#)
- ◆ [参加SELDI讲座和技术学习班](#)

参加SELDI讲座和技术学习班

Bio-Rad公司计划在2008年开展SELDI技术的相关讲座和技术学习班,请感兴趣的老师给填写以下表格,我们将在相关讲座和技术学习班开展前给您发送相关信息和邀请函。

姓名	<input style="width: 95%;" type="text"/>	单位	<input style="width: 95%;" type="text"/>
联系地址	<input style="width: 95%;" type="text"/>	邮编	<input style="width: 95%;" type="text"/>
联系电话	<input style="width: 95%;" type="text"/>	Email	<input style="width: 95%;" type="text"/>
<input type="button" value="提交"/> <input type="button" value="重置"/>			

07 年完成基因组测序的生物

生物通报道：在即将过去的 2007 年，动物、植物、微生物的基因组测序工作进行的如火如荼，多项基因组测序结果被公布，包括第一个个人基因组图谱、马基因组图谱、肺癌基因组图谱和多种致病性细菌的基因组测序结果。

人类基因组测序的进一步深入

[世界首份个人DNA图谱出炉](#)

57 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，并因这项基因研究领域的重大突破获得诺贝尔奖。今天，沃森成为自己研究的受益者--他将成为世界第一份完全破译的“个人版”基因组图谱的拥有者。

[第一个个体基因组序列公布](#)

来自美国克莱格凡特研究所 (J. Craig Venter Institute, 由 TIGR 所建立)，加拿大多伦多大学，加州大学圣地亚哥分校，西班牙巴塞罗那大学 (Universitat de Barcelona) 的研究人员近期公布了单个个体二倍体基因组序列，为未来的基因组比较打开了一道门，也开创了个体基因组信息的新纪元。

[杜克大学公布第一张人类基因组印记基因图谱](#)

来自杜克大学的研究人员创造了第一张人类基因组印记基因 (imprinted genes) 图谱，并且他们表示其成功的关键在于一个称为机器学习 (machine learning) 的人工智能形式：modern-day Rosetta stone。这项研究新发现了四倍于之前识别的印记基因，并即将公布在 12 月 3 日《Genome Research》封面上。

完成测序的动物

[第一张马基因组图谱草图公布](#)

国际马类基因组序列计划 (the international Horse Genome Sequencing Project) 宣布，科学家们首次完成家马 (Equus caballus) 的基因图谱草图，得到了 270 万个 DNA 碱基对的数据，全部数据已经进入公共数据库，可免费供全世界的生物学家和兽医学家使用。

[《自然》封面：首个有袋动物基因组序列公布](#)

一种灰色短尾负鼠 (Monodelphis domestica) 的基因组测序的完成则为这一推测给出了切实的证据。负鼠是第一个完成基因组测序的有袋动物，测序结果公布在 4 月 10 日的《自然》杂志上，而且这种小动物还登上了该期杂志的封面。

[家猫基因组测序完成](#)

在新一期的《Genome Research》杂志上发表的一篇文章公布了对家猫 (Felis catus) 基因组的首个装配、注释和比较分析详细信息。

研究人员对一只四岁大的名叫 Cinnamon 的阿比西尼亚猫 (Abyssinian cat) 的 DNA 进行了测序。之所以选取这种猫是因为对它的血统很了解，能够追溯到几代前的瑞典。

[10 种灵长类动物基因组研究成果公布](#)



在最新一期的《基因组研究》杂志的网络版上,来自美国科罗拉多卫生科学中心大学和斯坦福大学的研究人员公布了一项大规模基因组研究的结果。

该研究的目的是分析调查 10 种包括人类在内的灵长类动物之间基因复制数量的差异, 剩余九种灵长类动物分别为黑猩猩、大猩猩、倭黑猩猩、猩猩、长臂猿、短尾猿、狒狒、猿和狐猴。这项研究系统地分析了不同种系灵长类动物的基因和基因簇。在漫长的 6000 万年的进化过程中, 这些基因曾发生过基因拷贝数的增加和缩减。

[老鼠基因组单体型图谱出炉](#)

美国的研究人员希望通过对 15 只常用于生物医药研究的小鼠的 DNA 进行研究来帮助科研人员确定出与环境疾病敏感性相关的基因。目前这些数据被存放在了基因变异数据目录之下, 即小鼠基因组单体型图谱 (将染色体分隔成许多小的片段), 从而帮助研究人员找出小鼠中影响健康和疾病的基因和遗传变异。这个单体型图谱公布在 7 月 29 日的《自然》杂志上, 该图谱首次完整描述了小鼠基因组测序和 SNP 计划的分析数据。该研究计划由美国环境卫生科学研究院进行。

[屠志坚等人参与完成伊蚊基因组测序工作](#)

登革热是一种由登革热病毒所引起的传染病, 受感染后所产生的临床病征从非特异性症状, 到严重可致死的出血热皆有可能。这种疾病的主要传播者则是伊蚊。

现在, 埃及伊蚊首个基因组草图的完成将为研发预防和控制登革热和黄热病的新药物和疗法奠定基础。这项研究计划的主要负责人是美国基因组研究所的 Vishvanath Nene 和法国 Notre Dame 大学的 David Severson。这

个基因组是包含了基因和其他 DNA 片段的完整一套的遗传物质信息。这项研究的结果发表在 5 月 18 日的 Science Express 上。来自世界 24 所大学和研究机构参与了这项研究。参与该项研究的研究人员还有多名华人科研工作者, 他们是弗吉尼亚理工的屠志坚 (Zhijian Tu) 副教授、朱劲松 (Jinsong Zhu) 副教授、李颂 (Song Li)。

[《自然》封面: 首个有袋动物基因组序列公布](#)

包括人类在内的现代哺乳动物并没有进化出太多新的基因, 而是常常对已有基因进行重新编排。在这个过程中, 之前被认为是垃圾的遗传成分起到意外的辅助作用。

基因组学专家多年来一直只是推测垃圾 DNA 有这种功能, 而现在一种灰色短尾负鼠 (Monodelphis domestica) 的基因组测序的完成则为这一推测给出了切实的证据。负鼠是第一个完成基因组测序的有袋动物, 测序结果公布在 4 月 10 日的《自然》杂志上, 而且这种小动物还登上了该期杂志的封面。

[从海葵基因组看多细胞动物的进化](#)

[象鼻鲨基因组研究 获美国资助 766 万](#)

[测序的植物](#)

[葡萄基因组测定完成](#)

一项由法国科学家领导的最新研究捍卫了法国作为“葡萄酒之都”的荣誉, 他们完整测定了一种葡萄的基因组。葡萄也由此成为人类完成基因测序的第一种水果作物和第四种开花植物 (其它 3 种分别是小麦、拟南芥和白杨木), 这有望加深科学家对开花植物进化过程的理解。相关论文 8 月 26 日在线发表于《自

然》杂志。

[阿联酋生技中心将测序海枣基因组](#)

阿联酋迪拜生物技术和基因工程区域中心计划测序海枣 (date palm) 的基因组。根据该中心的网页上的消息,该中心董事会日前为开始进行灵活的研究计划开出绿灯。而海枣计划将是该中心向着好的方向发展的开端。这种研究计划旨在利用海枣的基因组数据来确定或者开发出对付那些威胁这种植物的疾病的方法。研究人员将会在阿联酋大学海枣中心进行这项研究计划。阿联酋是世界第四大海枣生产国。

[烟草基因组计划](#)

测序的微生物

[抗药TB基因组序列公布](#)

一个国际研究队伍公布了一种具有极强抗药性的结核杆菌基因组的初步数据。哈佛大学公共卫生学院的研究人员表示,该项目的目的是开发出一种能迅速诊断这种疾病的检测方法。这种所谓的结核分枝杆菌的 XDR 株与最近在南非 KwaZulu-Natal 爆发的导致 50 多人死亡的疫情有关。迄今为止,在该地区已经确定出了超过 300 个 XDR 病例。

[《科学》：基因组数据再分析解开死亡基因之谜](#)

到目前为止,科学家已经积累了大量的基

因组数据“矿藏”。而那些被忽略的数据则可能揭示出非比寻常的重要信息。现在,美国能源部联合基因组研究所(DOE JGI)进行的一项对大量微生物基因组序列数据的系统性的再次分析正是这样一个绝佳例子。这项研究鉴定出了杀死了测序过程中使用的细菌的基因。该研究还给出了发现新抗生素的可能策略。这项研究的发现刊登在 10 月 19 日的《科学》杂志上。

[《自然·生物技术》：黑曲霉基因组测序计划完成](#)

荷兰工业化学公司 DSM 已经完成了一项测序黑曲霉 (Aspergillus niger CBS513.88) 基因组的合作计划。DSM 公司利用这种黑曲霉来生产酶和其他化合物。DSM 和它的合作者们将这项测序计划的结果公布在 2 月号的《自然·生物技术》杂志上。DSM 表示,除去该公司外,参与这项测序计划的还有 29 个研究机构,包括 Gene Alliance、Biomax、Affymetrix、阿姆斯特丹大学等。这种 A. niger 的基因组大约有 3390 万个碱基对,并且构成超过 14000 个独特的基因。其中大约 6500 个基因的功能将被确定。

[美科学家绘出头皮屑真菌全基因组图谱](#)

[一极端厌氧菌基因组测序完成](#)

[一种常见口腔细菌的基因组测序工作完成](#)

(生物通雪花)

BioServer™

聘

大规模
在北京地区
招收
客户经理

XOCHIMERx
Madison, Wisconsin USA

世界一流产品, 首次登陆中国
通过BioServer Program全国发售
超低价格优惠中国客户

修饰酶 内切酶 DNA分子量标准 核酸提取试剂盒 PCR相关产品

XOCHIMERx

分子生物学产品
超低价格优惠
BSP专供

800 810 7608