

使命光荣 责任重大 大有可为

——纪念中国科学院成立 60 周年

11 月 1 日,是中国科学院成立 60 周年的纪念日,60 年来,伴随着伟大的祖国日益强大的前进步伐,中科院走过了一个甲子,60 年,中科院成绩斐然,硕果累累,始终坚持祖国的利益高于一切,为我国经济发展、社会进步、国家安全作出了重大贡献。

在建设创新型国家进程中进一步发挥“火车头”作用,这是胡锦涛总书记在中科院建院 60 周年的贺信中提出的殷切希望,《人民日报》以“创新路上‘火车头’”为标题,长篇回顾中国科学院 60 年推进科技发展纪事。“悠悠一甲子,漫漫六十年”,中科院与祖国同行,与科学共进,几代人拼搏,几代人奋斗,从慢吞吞的绿皮车到裹挟着飓风的子弹头高速列车,这趟列车是越跑越快……。胡锦涛总书记的鼓励与鞭策,要我们勇敢的当好“火车头”,“火车头”是动力之源,真可谓:使命光荣,责任重大,大有可为,我们科技工作者要大力发扬“火车头”精神,开足马力,奋勇向前。

在回顾中科院 60 年取得的辉煌业绩中,其中我所完成的科技成果赫然在列,参与国际人类基因组计划、完成水稻籼稻全基因组以及水稻粳稻 4 号染色体测序,这几项科技成果具有世界先进水平,已经成为基因组学研究领域的标志,在生命科学研究、植物模式生物研究等领域产生了重要影响,推动了我国基因组学的研究与发展。

基因组所是中科院实施知识创新工程中成立的研究所之一,几年来,我们深切的感受到当今世界科技的飞速进展,真是太快了,从参与国际人类基因组计划和完成水稻基因组测序,还不足十年时间,基因组测序技术发生了巨大变化,基因组学研究已经由单一的测序华丽转身,成为解决诸多重大科学问题的重要手段,涉猎的学科领域越来越广泛,发挥的空间与作用越来越大。基因组学是基础科学,是生命科学研究的前沿学科,有着十分重要的引领与支撑作用。11 月 3 日,温家宝总理在“让科技引领中国可持续发展”的报告中指出:“要更加重视基础研究和战略高技术研究。原始创新是国家竞争力的源泉。中国要抢占未来经济科技发展的制高点,就不能总是跟踪模仿别人,也不能坐等技术转移,必须依靠自己的力量拿出原创成果。”

今年冬天,北京城的雪花来得格外早、格外勤快,漫天洁白,飘飘洒洒的雪花把北京城打扮的十分俏丽动人,老话说,瑞雪兆丰年,晶莹的雪花犹如天使,点缀江山,传递着美好的祝愿。路甬祥院长指出:“中国科学院进入历史上最好的发展时期”。基因组所要在基因组学的研究发展中发挥骨干引领和示范作用,为我国的生命科学研究取得突破性的进展做出贡献。

中国科学院北京基因组研究所 所刊

Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences



所刊

二〇〇九年11月 总第十二期

主 编:杨卫平
责任编辑:张玉琪 徐 磊
美术设计:徐 磊

地 址:北京市朝阳区北土城
西路7号国恒基业大
厦G座

邮 编:100029
电 话:010-82995363
传 真:010-82995373
网 址:www.big.cas.cn
电子信箱:xulei@big.ac.cn

刊首语

所务交流

- 4 谭铁牛副秘书长到我所调研信息化建设及国际合作新进展
..... 生物信息平台
- 6 “2009国际基因组学大会”在北京顺利召开 综合办
- 7 基因组所举办疾病与基因组学交流会 科技处
- 8 基因组所组织参观“院庆六十周年成就展览” 党 办
- 9 又是一年119 谢 群

科研学术

- 10 基因组学学科发展展望 本刊编辑
- 12 基因组蛋白质组与生物信息学报本期推介 学报编辑部
- 14 EST Analysis from the testis of the Chinese mitten crab .. 万昊雷
- 17 蛋白质组学研究的新大陆 白 雪
- 20 近期《科学》、《自然》内容精选 本刊选稿

党团园地

- 22 基因组所认真贯彻落实党风廉政建设责任制 所党委

- 23 得民心者得天下 郭丽丽
- 24 搭乘地铁四号线 感受幸福新生活 徐 磊
- 26 我所和大气物理所举办趣味运动会暨消防演习 ... 研究生办

科普之窗

- 28 基因决定我爱你 王 玫
- 30 带你进一步认识甲流 杨 明

成长博览

- 34 所徽带给我喜悦与自豪 张文靖
- 36 国是荣誉的毅力 家是幸福的洋溢 杨 莹
- 37 迎接朝阳,拥抱今天 郭 丹
- 38 新生路 刘遵明

趣味天地

- 39 祝您健康:预防甲型H1N1流感小知识 本刊编辑
- 40 Bad drivers? Blame their genes 本刊选稿



谭铁牛副秘书长到我所调研信息化建设及 国际合作新进展



2009年9月13日，在中国科学院国际合作局曹爱民处长以及办公厅信息化工作处处长陈明奇的陪同下，中国科学院副秘书长谭铁牛到我所调研指导，基因组所吴仲义所长、副所长于军陪同参加了调研。

在座谈会上，基因组所吴仲义所长首先对谭铁牛副秘书长的到来表示欢迎，并就国际基因组学发展趋势，以及研究所在实验室建设、人才引

进、信息化建设等方面的进展向谭秘书长做了汇报。他指出：基因组学是一门飞速发展的学科，世界各国都把基因组学放到一个新的高度，我国在基因组学研究方面有着很好的基础。目前基因组所新一代测序仪已全面投入使用，月数据产量达到了TB数量级，大型机资源已全面满负荷运转，数据库项目也正顺利开展，但是，由于研究所数据产量不断攀升和国际合作项目的展开，研究所

在计算资源、存储资源与网络交互几方面将面临较大瓶颈。吴所长希望：在高通量基因组测序与信息分析的国际合作方式以及在计算资源瓶颈上的应对策略方面交换意见，在我院信息化建设的统一部署下，得到更大的发展。

随后，于军副所长就我所开展“中沙椰枣基因组计划”等国际科技合作交流情况向谭铁牛副秘书长做了介绍，并对国内生物领域计算资源的需求状况做了补充。

谭铁牛副秘书长在听完两位所长的汇报后，高度评价了基因组所在学科发展、实验室建设、国际合作交流等方面取得的成绩，并对研究所在信息化建设方面构建统一的、开放共享的生物超算中心的设想表示赞扬。同时，他从7个方面对下一步工作做了指示：

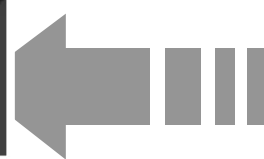
1、借鉴与参考国内外的成功案例，如 CERN，促进基因组科学数据的计算网格环境；2、在内在动力和现实需求的条件下，推动生物超算中心的部署；3、在具体实施方面，建议中科院信息办与

生物局以联合举办生物计算研讨会的方式，收集各方面的需求，从而推动生物超算中心的构建；4、在 e-Science 大环境下，将该工程作为示范项目来推进，同时建议在今后网络互联方面，充分利用新一代网络协议 IPV6 来实现数据高速传输与共享；5、重视“开放共享、集成资源”的指导思想，构建整合的资源中心，避免资源浪费与重复构建，真正做到资源的可持续发展；6、现阶段充分利用中科院网络中心的各项资源，解决资源紧缺的困难；7、软件开发方面不可忽视，要构建相对通用的应用软件，从而满足不同应用的需求，同时要在数据库、科普等方面发挥自身的特长，构建有特色的科研服务体系。

基因组所所长助理王彩平研究员；吕雪梅研究员；基因组与生物信息平台、科技处、综合办公室等相关负责人参加了座谈交流。

基因组与生物信息学平台

2009 年 9 月 14 日





2009 国际基因组学大会

在北京顺利召开

为促进我国基因组学、生物信息学和相关交叉学科发展,为国内外科学界和企业界同行提供一个有效的合作交流平台,2009年10月21日至23日中国科学院北京基因组研究所联合中国遗传学会举办的“2009年国际基因组学大会”在北京顺利召开。国内外基因组学的众多领军机构的科学家及科研人员近300人出席了大会。大会涉及的领域包括基因组学、生物信息学、遗传学、表观遗传学、DNA修复、分子进化和系统生物学等。在三天的会议中,与会代表从(1)基因组学前沿问题(2)基因组稳定性与表观遗传学(3)基因组信息与生物计算(4)基因组与细胞进化机制等四个基本议题进行了深入的探讨和交流。

近年来,随着人类基因组计划的实施完成,基因组学及相关技术随之飞速发展(高通量DNA测序和基因分型技术),并且臻成熟。基因组学数据的积累同时推动了生物信息学的发展,这两个“孪生”学科成为推动生命科学发展的重要动力。基因组学正在显示出其强大的发展活力,它的普遍应用和向其它学科、领域的不断渗透也日趋明显,这些学科涵盖了包括现代农业、生物能源、生态环境和人类健康在内的各个方面。

中科院北京基因组研究所在此时组织召开2009国际基因组学大会的基本目的就是要探讨

基因组学发展新动向、新方向和新技术需求;寻求与相关学科的合作热点和研究命题;酝酿和探讨学科新的重大科学项目。讨论基因组学研究继测定个人(人类基因组计划)、百个人(HapMap计划)和千个人的基因组(千人基因组计划)之后,还要做什么?以及在实现“\$1000测定一个基因组”和“\$100测定一个基因组”后,我们如何储存、分析和利用人类基因组的数据和信息,以大规模DNA测序为手段,我们能够解决的重大科学问题,以及如何将基因组学数据“翻译”成医学研究和医疗资源,如何整合和分析基因组学、转录组学和表观遗传学等相关数据?

我们希望通过本次大会的召开,能为我国基础科学研究与生物产业、医疗卫生事业之间的接轨架起桥梁。基因组学可以为生物产业的发展开路,比如经济物种的基因组测序可以为应用科学研究奠定有效信息基础。又如,基于基因组学技术的DNA稳定性研究可以为抗癌药物的研发和癌症的有效治疗提供基本信息和检测手段。同时希望本次和后续的年度基因组学大会将成为中国基因组学发展和国际交流的重要平台,为基因组科学发展做出应有的贡献。

综合办公室

2009年10月21日

基因组所举办疾病与基因组学交流会



2009年9月23日,中国科学院北京基因组研究所主办的“疾病与基因组学交流会”成功举行,这是基因组所计划主办的基因组学系列讲座之一。来自北京市15家医院、5个研究所及3所大学的一百多位研究人员参加了此次交流会。

基因组所科技处负责人严江伟副研究员首先向与会者介绍了主办合作交流会的目的及意义,并就基因组所的发展历史、研究领域与发展方向、目前的科研条件等向参会人员做了相关介绍,希望与会者能够结合各自的优势,在今后的科研合作中能够广泛的开展科技交流与合作。

在学术报告部分,基因组所的方向东、王前飞、郭彩霞研究员及肖景发、魏雷震副研究员分别作了“细胞分化的表观遗传学研究”、“血癌的基因组学”、“DNA损伤修复与肿瘤发生的关系”、

“生物信息学在药物设计中的应用”和“基因组稳定性与肿瘤”等主题发言,并就各自项目组目前的科研情况也向参会人员作了详细介绍。

在讨论交流部分,参会人员在充分了解对方的科研能力及需求的基础上,开展了热烈的讨论,就基因突变检测手段、癌症家系和易感基因及药物设计等问题深入的探讨并初步达成合作意向。

此次交流会取得了良好的效果,在今后的工作中,基因组所科技处将继续开展此类工作,以为科研服务为根本出发点,努力搭建所内科研人员和所外相关科研单位展开科研合作的平台。

科技处

2009年9月25日

基因组所组织参观院庆六十周年展览



为使我所广大职工和研究生进一步了解中科院的发展历程,激励广大科技人员弘扬改革创新精神、继承和发扬优良传统,11月9日和12日,基因组所组织全所职工和学生200多人分两批参观了以“与科学共进 与祖国同行”为主题的“中国科学院建院60周年展”。

1949年11月,中国科学院伴随新中国诞生而成立。60年来,几代中国科学院人顽强拼搏、勇攀高峰,在共和国发展史上写下了光辉的篇章。此次展览分为序厅、奠基开拓发展、改革创新引领、中国科学院教育事业、中国科学院学部与院士、迎接新挑战再创新辉煌等6个展区,分别展示了1949年中科院的成立、1950—1980年新中国科技事业的奠基开拓发展和迎接科学的春

天等重大事件和成果、80年代以来特别是1998年实施知识创新工程以来的改革实践及成果、60年来科学院积极探索科教结合培育创新人才的机制和模式、中国科学院学部的成立和发展历程、中国科学院开展的中国至2050年重要领域科技发展路线图战略研究等内容。展览上,一幅幅弥足珍贵的图片,一项项振奋人心的成果,凝聚着广大科技工作者的智慧和心血,再现了科学技术推动中国沧桑巨变的宏伟画卷。

展览中有多处提到了我们基因组所,包括研究所成立揭牌、参与国际人类基因组计划和人类单体型图(HapMap)计划、独立完成水稻基因组测序、抗击“非典”和参与东南亚海啸救援等我所历史上的重大事件,极大地激发了我所广大人员的自豪感和荣誉感。大家表示,要以老一辈科学家为榜样,继承和发扬我院的光荣传统,在新的起点上立足本职,奋发图强,以实际行动为研究所的发展和祖国的科技创新事业做出新的更大的贡献。

综合办公室 党委办公室

2009年11月14日

又是一年“119”

每年的11月9日是“全国消防日”，进行消防宣传，加强人们的消防意识成为这一天全国各地都要进行的活动。而作为负责我所消防安全工作的安全保卫干部，我更想在这一天把我们今年在消防安全方面的工作做一总结回顾。

2009年的消防安全工作是在一场全国震惊的大火中开始的。2009年2月9日央视大火后，北京市公安局消防局开展了对北京市各区县、地区进行火灾隐患排查整治的“雷霆行动”，院安保办、分院综合处也下发文件要求各个单位开展自查，杜绝火灾隐患。我们积极贯彻执行各级领导单位的文件精神，对我所各楼层进行了一次深入细致的安全检查，重点检查易燃易爆品的使用与存放、大型仪器设备的存放和安全防护措施、各个楼层消防器材、器械的保养、放置情况等，并要求各个研究组对办公隔断、实验室角落堆积的物品进行处理。通过这次检查，基本上杜绝了我所存在的一些安全隐患。

从近年来的火灾数据统计来看，电气已经超过用火不当成为引起火灾的主要原因。全国2008年电气原因引起的火灾已达到4万多起，占全国火灾总数的30.1%。这一情况也引起了我办公室的高度重视，而随着我所2007年搬入临时所址以来，实验室的建设与改造一直在陆续进行，电气线路的日益增多，而一大批高耗能科研仪器的到位使得我所的用电负荷日趋增大。为确保电气使用安全，我们在用电高峰期的7月份，聘请了专业的检测单位对全所范围内的配电柜、配电箱、断路器、开关、插座、荧光灯具等电气设备进行了一次消防安全检测。从检测的结果来看，我所总体的电气使用情况还是比较好的，但是也存在着一些问题。对于存在的问题，我们立

即着手进行整改，确保我所电气线路的安全运行。

消防安全工作的重点在于防患，除了每天都要进行的安全检查外，技防工作以及物防工作的到位也是“防患于未然”中极其重要的一环。从现在的科学技术水平来看，消防烟感报警系统是防患火灾最及时、最有效的技术防范手段。它能敏感的“闻”到物品燃烧时的烟雾，从而在第一时间进行报警，使我们把火灾消灭在萌芽阶段。我所现在运行的消防烟感报警系统是在原有系统的基础上，根据我所办公室、实验室的空间格局改造而成的，真正做到了每一个封闭空间都有一个烟感探头。2009年我所又对部分楼层进行了实验室改造，我们在实验室改造前期就开始了筹划烟感报警系统的安装方案，安装完成后严格组织验收，确保实验室能够按时、安全的投入使用。我所现在共有干粉及二氧化碳灭火器165个，按照消防法规规定每年都必须对灭火器进行检查检测，不符合使用要求的要及时进行修理更换。今年进行灭火器检测工作时，我们又根据新装修实验室的实际需要，有针对性的购买了一批二氧化碳灭火器，摆放到了各个实验室，进一步增强了实验室的安全系数。

“水火无情”，消防安全工作是一项依靠大众的工作，仅仅靠一两个人去说、去管，作用不大，需要我们大家都贡献自己的一份力量。感谢各部门、研究组对我们工作的支持和帮助，使我所的消防工作一直有一个好的群众基础。在以后的工作中，在所领导的指导下，我们更加需要大家的支持和帮助，营造一个安全、和谐的科研环境。

综合办 谢群

“ 该文是在由我所主办的“2009 国际基因组学大会”期间,于军副所长以及所内三位 PI 方向东、杨运桂、雷红星研究员接受媒体采访时,对基因组学的学科发展进行了深入展望。”

基因组学学科发展展望

基因组学是一门新兴的、发展迅速的生命科学。其普遍应用及向其他学科、领域的不断渗透日趋明显,这些学科涵盖了现代农业、生物能源、生态环境和人类健康等各个方面。日前举办的 2009 国际基因组学大会带来了最新发展趋势。

生物适应 直指肿瘤个体化治疗

自然选择下的生物适应是生物学的中心主题。“适应”可以体现在各个层面,从细胞的产生发展和进化、复杂表型的产生、物种的形成到种族差别和群落结构的多样性,乃至生物多样性本身都是生物适应的表现形式。对于所有上述现象,遗传基础是非常关键的因素。然而,由于不能获得这些现象中完备的遗传信息,我们很难揭示“适应”的生物学本质。第二代大规模基因组测序技术将测序通量提高了 1000 倍,为生物学研究带来了革命性的技术突破。在下一个浪潮中,更多物种的基因组会被测出,能更好地解决那些过去困扰生物学家的问题。

我们以人体内细胞进化为例,来说明基因组学如何解决细胞水平生物适应的遗传基础。在长寿的动物中(如人类),有一种特殊的进化,这种进化将一直持续到其生命的终结,而这种短期进

化的明显表现就是癌症。癌症从某种层面上说也是一种适应(即游离的细胞适应某种组织环境的过程)。肿瘤组织可以看成是含有多种异常突变细胞的细胞大群体。因此,肿瘤组织的基因组不是单个个体,而是多种突变个体的混合群体。

运用大规模测序手段,我们可以在癌症病理学的指导下,对肿瘤、癌旁和正常组织样品的多个样本点进行基因组测序,分析多样本点上变异之间的关系,从而描述癌症在发生发展过程中的关键变异,以及变异激增过程中的进化关系。最终解释细胞在某种组织环境下形成肿瘤的适应过程,这对于阐明肿瘤的发生发展机制和未来提供肿瘤个体化治疗将提供重要的线索。

基因组稳定性 探索精确化药物应用

在生物体内以及其外部环境中存在许多针对遗传物质 DNA 的损伤因素:如紫外线、电离辐射、重金属污染物等。DNA 损伤对于单细胞生物最大的威胁是造成细胞死亡,对高等生物可导致多种疾病,如发育缺陷、过早老化、癌症和抗感染能力降低乃至死亡。DNA 损伤修复是保障基因组稳定性,维持其编码信息不变,并将遗传信息准确无误的传给子代细胞的关键过程。高等生物已

经进化出一套由众多的 DNA 修复因子和细胞周期调控蛋白质构成的基因组稳定性维护体系。

目前大多数科学家都认为,维持遗传物质基因组稳定性重要因子功能的缺失,可引起基因组出现不稳定性和基因突变,造成其他肿瘤抑制基因和致癌基因突变积累,而这反过来又引起生长增殖失调,最终在生物宏观现象中导致发育缺陷、过早老化、癌症和抗感染能力的降低。

了解癌症的分子基础对于发展有针对性的干预战略至关重要。但是确定这些难以预料的指标一直是个老大难问题。基因组学的深入研究和不断发展为解决这类复杂疾病提供了重要的技术平台,比如将来可以根据病人药物作用相关蛋白的基因型来选择合适的药物及合适的剂量。这将有助于最大限度地提高药物治疗效应,同时减少药物不良反应和毒副作用。

表观遗传 希冀突破重大医学问题

真核生物基因的表达是一个高度复杂、精确调控的过程,是遗传调控和表观遗传调控协同作用的结果。表观遗传学是研究在没有 DNA 序列变化的情况下,可以经过有丝分裂和减数分裂等遗传方式在细胞和个体世代间传递,从而引起基因表达或表型改变的生命信息,它是不符合传统孟德尔遗传规律的核内遗传。

表观遗传学的真正兴起始于上世纪 90 年代后期,目前它已成为后基因组时代的重要前沿和热点。正如诺贝尔奖获得者 Watson 所说:“你可以继承 DNA 序列之外的一些东西。这正是现代遗传学让我们激动的地方。”

欧盟早在 1998 年就启动了解析人类 DNA 甲基化谱式的“表观基因组学计划”以及“基因组的表观遗传可塑性”研究计划。美国国家人类基因组研究所也于 2003 年启动 DNA 组分总汇计划。中国科技部于 2005 年开始启动表观遗传学

研究工作至今,已经取得了令人鼓舞的进展,多项研究成果在《细胞》、《自然》等国际刊物上发表。

在未来的 5~10 年中,我国表观遗传学的研究将主要围绕以下主题展开:

在表观遗传的机制与功能方面,表观遗传信息的建立和维持、表观遗传修饰、与表观遗传调控相关的非编码 RNA 的研究仍将持续。深入认识从信号到表观遗传调控乃至个体生长、发育和对环境适应的分子机理。

在重大医学问题方面,将重点阐明干细胞分化与组织再生、学习和记忆、发育与衰老、重大疾病的发生发展、DNA 损伤与修复等过程中的表观遗传学调控机制。

在技术研究方面,将注重优化现有的依赖于 PCR、芯片、质谱等系统的表观遗传学检测技术。而新一代测序平台的高通量表观遗传学技术体系的进一步完善和逐步推广,将是上述研究计划顺利进行的有力保障。

生物计算 深度挖掘生物信息资源

基因组学数据的积累,同时推动了生物信息学的发展,这两个“孪生”学科成为推动生命科学发展的重要动力。

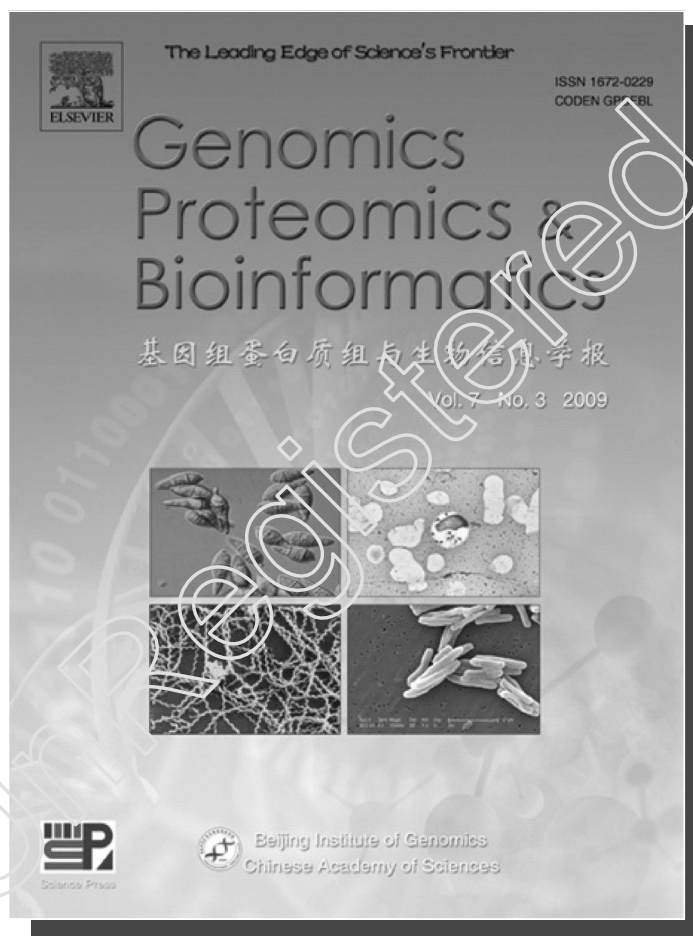
生物信息资源是关系到国民经济和社会可持续发展的重要战略资源,以数据挖掘为核心的生物信息技术则是生物信息资源能否充分利用、生命科学研究能否取得突破的技术关键。

伴随着新的高通量生物技术的不断涌现,生物信息数据急剧增长,形式日趋多样。功能基因组学、蛋白质组学、结构基因组学乃至代谢组学、基因组药物学等领域的发展越来越依赖于整合的生物信息数据库、基因组信息分析挖掘方法和生物计算软件分析工具等。

健康报 李天舒整理

《基因组蛋白质组与生物信息学报》

2009 年第 3 期内容推介



2009 年第 3 期《基因组蛋白质组与生物信息学报》(Genomics, Proteomics & Bioinformatics) 重点关注了几种致病微生物的相关研究。其中，我所胡松年研究组的张国强等运用新方法对结核杆菌 (*Mycobacterium tuberculosis*) 蛋白进行筛选和检测以区分结核病人和卡介苗接种者，取得了良好效果。四川大学鲍锦库研究组根据水平基因转移的理论运用生物信息学方法对稻瘟菌 (*Magnaporthe grisea*) 的感染机制进行了分析，并发现了某些可能的水平转移基因。伊朗 Shiraz 大学的 Hassan Mohabatkar 等对利什曼原虫 (*Leishmania major*) 的 10 种半胱氨酸蛋白酶序列做了生物信息学分析，为疫苗研发提供了有益帮助。印度的 K. Natarajaseenivasan 等用系统发生方法分析了钩端螺旋体 (*Leptospira*) 外膜脂蛋白编码基因

ompL1, lipL32 和 lipL41 的抗原变异性,发现了某些特定差异,对相关疫苗的研发将起到重要作用。

此外,本期还发表了我所基因组科学与信息重点实验室的王大鹏等对替换率变量影响非同义替换率(Ka)和同义替换率(Ks)计算的研究成果,希腊的 Pantelis G. Bagos 等对膜蛋白结构预测的研究,以及两款生物信息学的应用软件。

本期的网上全文可以在 Elsevier 出版集团的 ScienceDirect 数据库 (www.sciencedirect.com/science/journal/16720229) 中浏览下载,同时欢迎大家积极引用、投稿。

附:本期目录

Articles

In silico analysis of the potential infection mechanisms of *Magnaporthe grisea* from horizontal gene transfer hypothesis P77–86

Computational analysis of cysteine proteases (clan CA, family C1) of *Leishmania major* to find potential epitopic regions P87–95

Evolutionary implication of outer membrane lipoprotein-encoding genes ompL1, lipL32 and lipL41 of pathogenic *Leptospira* species P96–106

Screening and assessing 11 *Mycobacterium tuberculosis* proteins as potential serodiagnostical markers for discriminating TB patients from BCG vaccinees P107–115

How do variable substitution rates influence Ka and Ks calculations? P116–127

How many 3D structures do we need to train a predictor? P128–137

Application Notes

PBOND: web server for the prediction of proline and non-proline cis/trans isomerization P138–142

3D Genome Tuner: compare multiple circular genomes in a 3D context P143–146

学报编辑部

EST Analysis from the testis of the Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*)

Wan Haolei (Grade 2005)

Introduction

The Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) is an economically valuable and nutritional species for aquaculture, which is mainly culturing along the coastline of southeast China (Chang et al., 2008). Culturing of the crabs has rapidly developed in China over the past decades, reaching the highest yield of more than 400 thousand tons per year (Gai et al., 2007). To gain abundant production of crabs, the fishermen use excessively nutritive food to speed up crab sex maturity, which breaks the normal period of crabs and leads to sex precociousness of male crabs in wrong time. Meanwhile, dense culturing in limited space inhibits the development of crabs to the bigger size. Both of the two reasons caused drastic decrease of production and great economic loss in crab aquaculture in recent years.

After the studies of crab development in hormone and nutrition levels, scientists have found that environment and food are two main external factors which cause male *E. sinensis* to run into sexual maturity in advance and interrupt the development of crabs (Zhao and Lu, 2003; Chen et al., 2003). However, there are few scientific investigations to elucidate internal factors of spermatogenesis and sexual matu-

riety in molecular level. Therefore, our research is to find key genes involved in reproductive and developmental regulation of this species; additionally, we also hope to provide valuable advices in optimizing breeding strategies and controlling the population size to avoid the influence of sex precociousness.

Results

To obtain comprehensive understanding of sexual maturity and find key genes involved in sexual development and spermatogenesis in male crabs, we constructed a cDNA library from testis of *Eriocheir sinensis* and sequenced 3,388 randomly picked clones. A total of 2,990 expressed sequence tags (ESTs) longer than 100 bp were clustered into 2,415 unigenes and then compared with NCBI non-redundant protein (nr) database, NCBI non-redundant nucleotide (nt) database, and NCBI EST database (dbEST). BLAST compared with the crustacean GenBank EST databases was made to find specific genes expressed in crabs. After further analyses, 947 unigenes were obtained with concrete annotations. In all unigenes showed homology with known genes, 34 unigenes were found to have significant functions during the process of spermatogenesis. We conclude

these genes play important roles in the process of sexual development and spermatogenesis in male crabs, which is helpful for further study of avoiding sex precociousness in male crabs.

Of the 2,415 unigenes (909 contigs and 1,506 singlets) compiled, 922 were annotated by comparison with NCBI non-redundant protein database, nucleotide database, and EST database. An additional 25 unigenes were annotated using InterProScan software. Totally, 947 were annotated (39.22% in all unigenes) and had significant hits to identified sequences. The remaining 1,493 unigenes (60.78%) were not definitively identified. We also made BLAST with GenBank EST databases specific to the crustacean as well. And we get 207 unigenes are related to the relative crustacean, with several of these transcripts related to sperm secretion and ribosomal protein production.

Discussion

1) Functional classification

The Gene Ontology (GO) Project is a collaborative effort to address the need for consistent descriptions of gene products among databases. Until now, the GO has developed three structured and controlled vocabularies (ontologies) describing gene products in terms of their associated with biological processes, cellular components, and molecular functions, respectively. Via comparison of gene expression profiles of Chinese mitten crab testis tissue by GO, we categorized 455 unigenes of the total 2,415 unigenes (38.84%) based on three GO functional classifications, which were treated as three separate attributes.

Within the “biological process” category, the

“cellular process” subcategory contained the greatest abundance of unigenes, consisting of 344 unigenes (58.4% of “biological process” categorized unigenes), followed by the “metabolic process” subcategory that contained 261 unigenes (44.3% of “biological process” categorized unigenes). Additionally, “binding” and “catalytic activity” subcategories contained a high abundance of unigenes. Our analyses indicate that Chinese mitten crab testis cells are rapidly growing and undergoing active metabolism, consistent with energy requirements of spermatogenesis cells.

2) Discovery of spermatogenesis and sexual maturity related genes

During the process of spermatogenesis, primordial germ cells develop into spermatogonia, giving rise to spermatocytes that undergo two meiotic divisions to become round spermatids. These cells differentiate into spermatozoa during spermiogenesis (Khalil et al., 2008). Spermatogenesis is a complex process of cell differentiation controlled by many factors, among which gene regulation in the spermatogenic cells plays a pivotal role (Grootegoed et al., 2000). Genes important for male gametogenesis involved in highly conserved landmark events such as meiotic recombination, formation of the synaptonemal complex, sister chromatid cohesion, spermiogenesis during postmeiotic stages, and checkpoints and factors required for the meiotic cell cycle (Hecht, 1998). Spermatogenesis is characterized by phase-specific expression of many genes exclusively expressed in the spermatogenic cells.

According to our annotations, 34 unigenes are found to have significant functions during the process of spermatogenesis and sexual maturity. 10 uni-

genes of them are annotated to the crustacean. These 10 unigenes comprised of 72 ESTs are identified as having functional involvement in crab spermatogenesis and sexual maturity based on previously published reports. According to our annotation, identified unigenes include four categories: Nuclear protein transformation related-genes (1 unigenes), heat shock protein genes (2 unigenes), transcription factor related-genes (2 unigenes) and cytoskeleton protein related-genes (2 unigenes). In addition, some genes related to spermatogenesis and sexual maturity but not easily classified are also identified.

3) Homology analysis of genes in crustacean

In our research of Chinese mitten crab testis cDNA library, 207 unigenes were annotated to the crustacean animals. By further examination of these 207 unigenes, we found most of these genes were conserved genes compared with other public crustacean orthology genes in GenBank. These genes included not only essential genes involving in basic cellular metabolisms, but also specific genes expressed in sex organ. To analyze homology of these genes, we took Dmc1 specific expressed in testis as an example for the homology analysis. We made an alignment of the amino acid sequence of our Dmc1 gene with other species. The two motif regions (GEFRTGKT and LLIID) of Dmc1 gene bound with nuclear acid are conserved too. Similar results could also be found in other unigenes annotated to the crustacean. By the variation and similarity of the orthology genes from different species, we could use developed software to analyze the evolutionary relationship of these species. Therefore, we conclude that EST analysis is suitable for new gene discovery in Chinese mitten crabs; additionally, it is also a

helpful method for evolutionary research among different species.

Reference

- Chang, Y. M., L. Q. Liang, et al. 2008. "Microsatellite analysis of genetic diversity and population structure of Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*)." *Journal of Genetics and Genomics* 35(3): 171–176.
- Chen Z Z, Cheng YX, Wang W. 2003 .Changes of hepatopancreas index, lipid content and fatty acid composition in *Eriocheir sinensis* during precocity. *Journal of Fisheries of China* 27:57–61
- Gai, Y. C., J. M. Zhao, et al. 2008. "A phenoloxidase from the Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis*: Gene cloning, expression and activity analysis" *Fish & Shellfish Immunology* 24(2): 156–167.
- Grootegoed JA, Siep M, Baarends WM. 2000. Molecular and cellular mechanisms in spermatogenesis. *Baillieres Best Pract Res Clin Endocrinol Metab* 14:331–343.
- Khalil, A. M. Wahlestedt, C. 2008 Epigenetic mechanisms of gene regulation during mammalian spermatogenesis. *Epigenetics*. 3(1):21–27
- Hecht NB.1998. Molecular mechanisms of male germ cell differentiation. *BioEssays* 20: 555–561.
- Zhao WX, Lu JF. 2003. The relationship between hormone biosynthesis of mandibular organ and precociousness in *Eriocheir sinensis*. *Journal of Fisheries of China* 27:289–294

蛋白质组学研究的新大陆

——磷酸化蛋白质组学

2006 级硕博研究生 白雪

蛋白的磷酸化修饰与磷酸化蛋白质组学的历史与发展

蛋白质磷酸化现象是在 1932 年由 Lipmann 和 Levene 两位科学家发现的。在随后的几十年时间中,人们不断发现真核生物蛋白的丝氨酸,苏氨酸以及酪氨酸残基上存在着大量的可逆磷酸化现象。^[1]而且,这些发生了可逆磷酸化修饰的蛋白往往在细胞信号通路中起着至关重要的作用,如众所周知的 Ras/MAPK 通路。

但是,原核生物中磷酸化的蛋白含量较低,因此细菌中第一个磷酸化蛋白——大肠杆菌中的异柠檬酸脱氢酶直到 1979 年才由 Garnak 和 Reeves 发现。^{[1][2]}此后,科学家们又在原核生物中发现了蛋白磷酸化现象,但它们的氨基酸序列和磷酸化位点与真核生物相去甚远。因此,人们普遍认为原核生物,尤其是细菌中蛋白磷酸化现象局限于组氨酸和天冬氨酸,其功能也仅局限于二元调控体系。^[3]但是,随着关于细菌中蛋白质可逆磷酸化修饰的研究正日益深入,并成为学术界热点问题之一,人们发现细菌中的蛋白磷酸化现象十分丰富,在组氨酸,天冬氨酸,丝氨酸,苏氨酸以及酪氨酸残基上均有分布,他们参与的调控的生物功能也

十分广泛,如蛋白分泌^[4],热激反应^[5],核酸代谢^[6]等等。

据估计,至少有 50% 的蛋白在其生命过程中都存在磷酸化现象。因此,我们可以信心十足的说蛋白质的磷酸化修饰对很多生命活动都起着至关重要的作用。

目前,对个别蛋白和信号通路的研究已远远不能满足科学家们的需要。尤其是近年来,随着生物质谱技术的发展,我们已经把目光转向了磷酸化蛋白质组学和定量磷酸化蛋白质组学的研究,即一个物种或组织中所有的磷酸化蛋白。研究磷酸化蛋白质组可以使我们更加全面和深入的了解细胞世界中的各种代谢和调控通路,为人为改造细胞代谢提供条件,从而更好的为人类服务。

磷酸化蛋白质组学的研究方法

目前,原核生物磷酸化蛋白质组学的研究还处在起步阶段,但是在各国科学家们对真核生物磷酸化蛋白研究的基础上,很多分离,富集以及检测的技术已有多篇文献报道。但毕竟磷酸化蛋白质组对人们来说依然是个年轻的领域,各种更先进更精确的方法和设备依然层出不穷。

1 磷酸化蛋白的检测

大部分磷酸化蛋白都可以通过双向电泳的方法被检测到。在胶图上,多磷酸化蛋白可以呈现出一串分子量相近但等电点有明显差异的蛋白点。或者经同位素 ^{32}P 或 ^{33}P 标记后,通过放射自显影确定磷酸化蛋白的存在。另外,一些抗体可以专门识别磷酸化的氨基酸残基,如磷酸化酪氨酸等,我们就可以通过 Western Blot 检测到磷酸化蛋白的存在^[1]。

2 磷酸化肽段的富集

现在普遍公认富集效率较高的方法主要有 I-MAC (固定金属亲和层析,常用金属有铁,镓,铝等)^[9]和二氧化钛富集^[9],IMAC 是较为传统的经典富集方法,利用亚氨基二乙酰乙酸或乙腈酸作为螯合基团,集合特异性较差^[10]。因此很多单磷酸化肽段往往损失在穿透液和淋洗液中。而二氧化钛富集发利用磷酸基团与金属氧化物的特异性结合大大提高了结合肽段的特异性,但分子较大的多磷酸化基团由于位阻现象不易与柱料结合,而一旦结合又不易被洗脱下来^[9]。因此二者区别在于 IMAC 较适用于简单样品中多磷酸化肽段的鉴定,而二氧化钛更适合用于较为复杂的样品中单磷酸化肽段的鉴定。

当然也有科学家对现有富集方法进行了改善和优化,大大提高了富集效率,如磷酸钙-二氧化钛法,磷酸钙-IMAC 法,钛-锆亲和柱法,但基本原理还是相同的。另外,免疫亲和层析和离子交换层析也是比较常用的。强阳离子交换层析是利用磷酸化肽段的带电性使之与柱料结合,经常用于复杂样品的初步分离^[11]。

3 磷酸化肽段的鉴定

通常,磷酸化肽段都是通过二级甚至三级或

四级质谱峰图中的中性丢失鉴定的。在阳离子模式的离子阱质谱中,当含磷酸化丝氨酸或苏氨酸残基的肽段被解离时,通常会发生磷酸基团 (H_3PO_4) 的丢失,其分子量恰为 98Da,而有些情况,如磷酸化位点在酪氨酸残基时,丢失的磷酸基团变为 HPO_3 (80Da),我们把这种由于磷酸化基团的丢失,在质荷比上与母离子相差 98 或 80Da 的情况称为中性丢失。除了 80Da 的中性丢失外,由于磷酸化酪氨酸的稳定性,在质荷比为 216 处的高峰也可以作为磷酸化酪氨酸的诊断依据。^{[11][12]}

目前常用于检测磷酸化蛋白质组的质谱离子化方式包括电喷雾离子化 (ESI),基质辅助激光解吸离子化 (MALDI),离子解离方式有碰撞诱导解离 (CID) 模式,电子捕捉解离 (ECD) 以及电子转移解离 (ETD),而常用的质量分析器包括离子阱 (ion-trap),飞行时间 (TOF) 以及最新开发的傅里叶变化——离子回旋加速器共振 (FT-ICR),其分辨率之高是现有其他分析器所不能及的。

磷酸化蛋白质组学研究的前景

在真核生物的磷酸化蛋白质组学蓬勃发展的同时,原核生物中的研究也方兴未艾,科学家们已经分别得到了革兰氏阴性菌和阳性菌的模式菌株也就是大肠杆菌的 K12 菌株和枯草芽孢杆菌 168 菌株的磷酸化蛋白质组,并建立了进行原核生物蛋白磷酸化修饰的搜索和预测的专门网站 www.phosida.com。目前研究的热点集中在一些病原菌和工业用菌上。

此外,随着研究的深入,定量磷酸化蛋白质组正渐渐成为一个重要的关注焦点。很多新技术新想法也应运而生。比如利用稳定同位素标记的 SILAC 和 ICAT 研究定量蛋白质组学。目前已有很

多科学家做了不少有益的尝试，定量研究某些蛋白的磷酸化程度随时间和环境的变化^[13]。所有这些都为进一步深入揭开蛋白质磷酸化修饰神秘的面纱奠定了坚实的基础。

参考文献

- 1 Josef Deutscher and Milton H. Saier, Jr. (2005) Ser/Thr/Tyr Protein Phosphorylation in Bacteria For Long Time Neglected, Now Well Established, *J Mol Microbiol Biotechnol*; 9: 125 - 131
- 2 Manai, M. and Cozzone, A.J. (1979) Analysis of the protein-kinase activity of *Escherichia coli* cells. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 91, 819 - 826
- 3 Klumpp, S. and Krieglstein, J. (2002) Phosphorylation and dephosphorylation of histidine residues in proteins. *Eur. J. Biochem.* 269, 1067 - 1071
- 4 Joseph D. Mougous¹ etc Threonine phosphorylation post-translationally regulates protein secretion in *Pseudomonas aeruginosa* *NATURE CELL BIOLOGY VOLUME 9 | NUMBER 7*
- 5 Klein, G., Dartigalongue, C., Raina, S. 2003. Phosphorylation-mediated regulation of heat shock response in *Escherichia coli*. *Mol Microbiol* 48: 269 - 285.
- 6 Ivan Mijakovic, etc (2006) Bacterial single-stranded DNA-binding proteins are phosphorylated on tyrosine *Nucleic Acids Research*, 2006, Vol. 34, No. 5 doi:10.1093/nar/gkj514
- 7 Joerg Reinders and Albert Sickmann (2005) State-of-the-art in phosphoproteomics *Proteomics* 2005, 5, 4052 - 4061
- 8 N. Imam-Sghiour, etc (2005) Application of metal-chelate affinity chromatography to the study of the phosphoproteome *Amino Acids* 28: 105 - 109 DOI 10.1007/s00726-004-0130-4
- 9 Martin R. Larsen², etc (2005) Highly Selective Enrichment of Phosphorylated Peptides from Peptide Mixtures Using Titanium Dioxide Microcolumns, *Molecular & Cellular Proteomics* 4: 873 - 886
- 10 Xiaogang Jiang¹, etc (2008) Technologies and methods for sample pretreatment in efficient proteome and peptidome analysis, *Proteomics*, 8, 686 - 705
- 11 Tine E. Thingholm, etc (2009) Analytical strategies for phosphoproteomics, *proteomics* 2009, 9
- 12 Jason D. Hoffert and Mark A. Knepper (2008) Taking Aim at Shotgun Phosphoproteomics *Anal Biochem.* 2008 April 1; 375 (1): 1 - 10. doi:10.1016/j.ab.2007.11.023
- 13 Jason D. Hoffert, etc (2006) Quantitative phosphoproteomics of vasopressin-sensitive renal cells: Regulation of aquaporin-2 phosphorylation at two sites, *PNAS* _ May 2, 2006 _ vol. 103 _ no. 18 _ 7159 - 7164

近期《科学》内容精选

《科学》

流感病毒的演化如何影响疾病传播

10月30日《科学》杂志内容精选



一项新的研究可帮助研究人员预测流感病毒特殊的分子变化是如何帮助该病毒战胜流感疫苗并引起疾病暴发的。我们没有感染人类的这些病毒株的资讯（人们在接种疫苗上所存在的大量的差异使得他们无法进行有对照的实验），但是，科学家们现在收集了在小型马中的可与人进行比较的资讯。这些发现可帮助研究人员设计最有效的接种策略以跟上流感病毒的演化速度。自上世纪60年代开始，人们就已经使用马的流感疫苗，特别是在比赛用马中。Andrew W. Park及其同事对感染了不同马流感病毒株的接种过疫苗的及“作为对照”的小型马进行了研究。这些研究者对该病毒的血凝素蛋白（这是该病毒用来躲避宿主免疫系统的主要方法）中的氨基酸变化进行了跟踪，并显示了这些氨基酸的变化是如何影响疾病传播能力的。当感染病毒株与疫苗的病毒株出现差别的时候，一匹小型马受到感染的机会以及变得具有传染性的机会会增加，而感染期的时间也会增加。

在全球性疾病大流行期间准备麦加朝圣

10月30日《科学》杂志内容精选

即将到来的2009年麦加朝圣活动（这是世界上最大而且集会人群密度最大的朝圣活动）给人们带来了一个面临H1N1全球大流行的严重的公共卫生方面的挑战。但是，沙特阿拉伯王国（KSA）和世界卫生组织今年夏天在吉达携手合作，拟出了一个在此全球性活动中可帮助阻止H1N1病毒在全球传播的预防措施和医疗策略的单子。在一篇文章中，来自美国疾病控制中心的Shahul Ebrahim及其同事与沙特阿拉伯政府讨论了要做到这些建议所面临的挑战以及帮助使H1N1病毒传播最小化的最新计划。那些出

现H1N1病毒感染并发症风险特别高的朝圣者（如孕妇、罹患慢性疾病者、年龄在12岁以下的儿童以及年龄在65岁以上的人）最好自愿不要参加2009年的麦加朝圣。通常的预防措施，如戴口罩及使用洗手消毒液应强烈推荐在所有的朝圣者中使用；但专家警告，宗教信仰可能会让他们分心而不采取防范措施及使防范的有效性下降。沙特阿拉伯卫生部说，在该国机场已经安装了体温筛检设备，目的是识别发高烧的人。它还要求接受旅客的机场为多达200至300名可能有流感样疾病症状并需要就地进行隔离及疾病评估的朝圣者提供房间。他们将帮助与朝圣人群分隔开的朝圣者在安全的时候与他们重聚。由于H1N1疫苗需要整整14天的时间才能开始保护接种者不受该病毒的侵害，因此大多数的朝圣者不太可能及时获得疫苗以获得在他们旅行时可得到的保护，所以，当宣布全球都能获得H1N1疫苗的时候，沙特阿拉伯政府会要求获得来自每一个派遣朝圣者的国家的官方文书，提供有关H1N1疫苗在当地是否可以获得的资料。如果他们在足够早的时间之前接到了有关国家可以获得该疫苗的通知，那么，从那个国家来的朝圣者可能需要提供疫苗接种的证明。

死亡区域中的生命

10月23日《科学》杂志内容精选

根据David Walsh及其同事的一项新的分析披露，海洋的死亡区域中存在着一种具有专门化代谢工具箱的微生物，使得它们能够在缺氧的水域中旺盛生长。海洋中诸如北美墨西哥湾离岸水域等死亡区正随着全球变暖和因农耕、污水所导致的氮溢流的增加而在扩大。海洋死亡区的扩大对渔业和海洋碳汇的形成具有重要的影响。然而人们对促成其化学反应的该区域中的微生物却基本上不了解。研究人员对英属哥伦比亚死亡区的基因学取样发现了一种大量存在的微生物，它与深海蛤蜊和贻贝腮中的从化学反应获取其能量的细菌相似。该死亡区中的微生物的多种特殊性中还包括其携带着有助于碳截留及硫脱毒的基因。

近期《自然》内容精选

《自然》

基因组演化的速度和模式

10月29日《自然》杂志内容精选

在一项实验中,研究人员在实验室中培养了一批大肠杆菌,它们在近20年时间里一直以葡萄糖为一种限制性营养物。这项实验为研究基因组演化的速度和模式提供了一个机会。大肠杆菌克隆的基因组分别在2000代、5000代、10000代、15000代、20000代和40000代后被取样。适应性的发展加速极快,但基因组演化在20000代几乎是不变的。这样的一致性被认为是中性演化的特点,但来自几个方面的证据都表明,这些突变大部分都是有益的。这个种群后来突变速度加快,并且积累了数百个另外的、以中性为特征的突变。显然,基因组演化和适应性演化之间的耦合是一个复杂的问题。

X染色体在物种形成中的作用

10月22日《自然》杂志内容精选

在日本一个三刺鱼种群(但并不是第二个与之密切相关、分享同一生境的物种)中一个新形成的性染色体系统的发现提供了这样的证据:性染色体变化在引起生殖隔离和物种形成中所起的作用可能要比以前所认为的更大。基因定位研究显示,新形成的X染色体包含雄性求偶行为基因,而先祖X染色体既包含行为隔离基因,又包含杂交种雄性不育基因。这些特征在该物种与在太平洋中发现的先祖形式之间构成一个有效的生殖障碍。

早期类人猿的进化及分类

10月22日《自然》杂志内容精选

最近对始新世原始灵长类Darwinius(或称“Ida”)的介绍引起了一阵骚动,因为有人称它是

一个曾经“缺失的环节”,接近包括人类在内的类人猿(高等灵长类)的祖先。古生物学家对此有所担心,因为很少有人认为Darwinius所属的已灭绝的类别(即adapoids)接近类人猿。现在,Erik Seiffert及其同事介绍



了一个在埃及新发现的距今已有3700万年的adapoid(被命名为Afradapis)的颌骨和牙齿。虽然详细的系统发生分析表明,这一新形式(同Darwinius一样)与类人猿只是有远亲关系,但它的确有几个能够说明趋同进化的特征。可能的情况是,Darwinius和Afradapis都是一个类别中的成员,这个类别在始新世中期趋同进化出一些与类人猿相似的适应性特征,但它们在始新世晚期和渐新世早期最终被真正的类人猿取代了。

能沿ssDNA随机行走的SSB蛋白

10月22日《自然》杂志内容精选

涉及DNA的很多交易都产生一个单链中间体,它受ssDNA结合蛋白(SSB蛋白)保护而不会被降解。在保护DNA的同时,这种蛋白需要允许DNA快速接触其他蛋白,如聚合酶或修复因子,以便随后进行DNA处理。允许SSB与ssDNA保持牢固结合,同时允许DNA接触其他蛋白的一个机制,该机制已在对大肠杆菌的这种蛋白所进行的一项单分子荧光共振能量转移研究中被发现。这种SSB是一个四聚物,将ssDNA包裹在其外围。令人吃惊的是,它能通过沿ssDNA进行随机行走来迁移,以便使其能够重新定位,尽管它仍保持紧密结合的状态。

基因组所认真贯彻落实党风廉政建设责任制

为深入贯彻落实党的十七届四中全会精神和中共中央、国务院关于实行党风廉政建设责任制的规定,进一步推进研究所党风、学风与廉洁自律建设,根据《中国科学院党风廉政建设责任制的规定》的统一部署和要求,所党委和纪委结合实际制定了我所《党风廉政建设责任制实施细则》,并于近日由党委书记杨卫平、所长吴仲义代表研究所与所属各部门、研究组负责人分别签订了《学风与廉洁自律责任书》。

《实施细则》和《责任书》明确了研究所党风廉政建设责任制的总体要求、责任分工和责任内容。所党委、行政领导班子对本所的党风廉政建设负全面领导责任,研究所各部门、研究组按照分工分别承担职责范围内的责任。各部门、研究组负责人要模范执行廉洁自律的各项规定,严于律己、以身作则,并对本部门的学风与廉洁自律建设负直接领导责任,做到谁主管、谁负责,一级抓一级,层层抓落实。研究所负责对各部门、研究组的责任考核,对违反规定的将进行责任追究。

同时,为更好地进行反腐倡廉教育,所党委和纪委精心制作了一批反腐倡廉宣传页发放给各部门、研究组。宣传页以图文并茂的形式精选了我院近年发生的一些典型案例,具有很强的感染力和警示教育作用。大家纷纷表示将以这些案

例为反面教材,引以为戒,时刻保持清醒头脑,自觉筑牢拒腐防变的思想道德防线,珍惜职业生涯,珍惜平凡生活,珍惜家庭亲情,珍惜荣誉名声,勤勤恳恳做事,干干净净做人,为建设改革创新和谐奋进的研究所做出新的更大的贡献。



反腐倡廉宣传页



党委办公室
2009年11月18日



得民心者得天下

——《建国大业》观后感

所团委 郭丽丽

二十世纪四十年代，是一个黑暗与光明，和平与战争的年代；更是一个人才辈出，风云际会的年代。1945年当全国人民还沉浸在抗战胜利喜悦的时刻，一场专制与民主的较量依然展开。《建国大业》这部电影就以此为背景，正面再现了共和国多党合作和政治协商制度从诞生到确立这一重大历史事件，反映了中国共产党和中国各民主党派在反对蒋介石国民党独裁统治的斗争中，和衷共济、团结奋斗，为建立多党合作和政治协商制度所经历的曲折和艰辛，直至取得最后胜利的光辉历程。

影片中毛泽东、周恩来等共产党人，为了国家和人民，为了避免内战，不顾自身安危与国民党进行艰苦的斗争。1945年8月抗战胜利，毛主席应国民党蒋介石之邀毅然飞赴重庆，与国民党蒋介石举行和平谈判。毛主席在重庆与民盟主席张澜等民主党派领导人密切协商配合，共同努力推动谈判进程，使国共双方终于签订了以避免内战、在政治协商的基础上组建多党派联合政府为主要内容《双十协定》。然而，国民党蒋介石无法放弃一党专制的独裁迷思，一方面发动了对共产党的内战，一方面炮制召开首届国民大会的独角戏，并对民主党派大肆迫害镇压，实际撕毁了《双十协定》。中国共产党制定了针锋相对、以革命战争反对反革命战争的方针，开始坚决的武装反击。众多民主党派领导人纷纷采取了与我党站在同一立场，坚决反对和抵制蒋介石独裁行径，以实际行动与国民党决裂。

在以后的几年中，解放军以100万对400万，以小米加步枪对飞机大炮，只用了短短的三年就取得了彻底的胜利。其原因何在？从这个影片中我们可以得到答案，那就是得民心者得天下。毛朱周等共产党人始终和人民群众站在一

起，始终和民主人士心连心。那一幕幕小小的细节让我们知道了民心所向，其势必不可挡。

1948年5月，中国共产党发表《五一宣言》，发出了打倒国民党反动派、迅速召开新的政治协商会议，成立民主联合政府的号召。这个号召得到各民主党派的热切响应。此后，在战场上共产党领导的人民解放战争节节胜利的同时，一个反对国民党统治的民主统一战线也不断发展壮大，大批民主人士在共产党的诚恳邀请和精心安排下，历经艰险，从蒋管区，从香港、从国外纷纷奔赴解放区……

影片的最后，终于迎来了全国人民期待已久的开国大典。伴随着礼乐阵阵，礼炮声声，伟大领袖毛主席在天安门上庄严宣布：中华人民共和国中央人民政府成立了！他在义勇军进行曲声中亲自按下电钮，升起第一面五星红旗。顿时，天安门广场上欢呼声，掌声响成一片。曾经饱受压迫的劳苦大众翻身做了主人，久违的笑容洋溢在他们的脸上。

“起来！不愿做奴隶的人们……”听，多么嘹亮的歌声；看，多么雄伟的气势一九四九年十月一日，这是一个难忘的日子，中国人民从此站起来了，祖国大地从此焕然一新。人们欢呼着，把帽子扔向了半空中；人们拍掌着，拍的情绪激动，但这一切又怎能表达出人民群众此时此刻心中的激动、喜悦呢？

今天，我们可以在宽敞豪华的图书馆里安逸的读书，可以吃到多种多样的丰富食品，可以听各界名师传授我们知识……这一切，都是我们伟大的党和无数英勇战斗的革命烈士用生命和鲜血换来的。当代的青年，我们在祖国六十周年华诞之际缅怀先烈，珍惜现在来之不易的美好生活，从一点一滴的“小事”做起，努力学习、谦虚谨慎、不断探索，为祖国新时期的发展贡献自己应有的力量。



搭乘地铁四号线 感受幸福新生活

所团委 徐磊

最近的北京连续下了几场大雪，道路结冰湿滑，气温骤降，加上每周的汽车尾号限行，我开车的次数越来越少了，乘坐地铁四号线上下班的次数越来越多，坐在温暖的车厢里，听着悦耳的音乐，不受漫天飘雪和寒冷的袭扰，不受堵车带来的烦恼和煎熬，过去很少乘坐地铁的我，突然间感到地铁带给我们的不仅仅是快捷便利的交通工具，还有一种温馨和舒适，一种惬意的生活方式。

地铁四号线是在今年国庆节开通的，记得那是十一国庆长假的尾声，我从哈尔滨结束旅行回到北京，在火车上接到父母短信，说我们期盼已久的地铁四号线终于通车了。我家居住在宣武区陶然亭公园附近，而四号线地铁陶然亭站正好就设在我家楼下。所以返京那天我从北京站下了火车之后，特意的乘坐了一把地铁四号线，可能是因为刚开通不久又是十一长假，地铁里人很少、很安

静，基础设施也很完善，真有一种火车开到家门口的感觉，那滋味真的美妙极了。

想想在地铁四号线开通之前，尽管我也算有车一族，但是，从我家到位于北辰西路的单位上下班，直线距离不过十几公里，却经常被“早高峰、晚高峰”，搞得焦头烂额，烦恼不堪。就拿上班来说，要开车由南向北穿越整个市中心，从菜市口到宣武门，越过长安街到西单、跨过平安大街到新街口，这一路上都是出了名的魔鬼路段，每天开车上路，心里总是惴惴不安，不知道在路上会堵多久。如果赶上一个下雨、下雪的日子，那就更没谱了。为了避免上班迟到，这短短十几公里的路程，我经常要提前一个半小时出门，大量的时间耗费在了路上，真是费心、费神、费力、还费钱。

自从地铁四号线开通，这堵车的烦恼终于没有了，今冬早到的几场大雪期间，我每天早上8点

出家门,步行5分钟走到地铁陶然亭站,坐上地铁到达海淀黄庄换乘站时大约在8点30左右,再转换地铁10号线到达健德门站,步行5分钟到单位,一路上哼着小曲,活动着筋骨,轻轻松松保准不迟到。九点钟之前踏踏实实地坐在已启动的电脑前,开始一天愉快的工作。而这一切以前我是不敢想象的,尤其是遇到大雪这样的恶劣天气,那更是惶恐不安,现在这些烦恼和揪心的事都没有了。

坐地铁四号线,除了上下班大大方便之外,它还是我生活当中“休闲”、“购物”的好帮手,看看四号线的路线图,有宣武门、西单、西直门、中关村四大商圈,沿线有陶然亭公园、动物园、天文馆、紫竹院、颐和园、圆明园等文化娱乐场所。购物、休闲真是“一线掌握”。我现在可以在晚饭后和家人或朋友坐上三站地铁到西单购物广场去散步了,免去了堵车以及停车难的烦恼。在乘坐地铁四号线的过程中,我发现周末和节假日的乘客比平时还要多,一到周末车厢中满是一对对去西单逛街购物的年轻情侣,一拨拨去动物园的孩子们兴高采烈地期待着老虎、熊猫、狗熊,还有那不能错过的猴山,车厢里总是洋溢着欢声笑语……

坐地铁出行,便捷换乘是地铁四号线给我的又一个感受,无论是从宣武门换乘2号线、西单换乘1号线,还是西直门换乘2号或13号线、海淀黄庄换乘10号线,不仅指路标识清晰,而且还有专门站务人员的引导,他们热情周到的服务给出行人们提供了方便,送去了温暖。四号线是今年国庆节刚刚开通的新线路,我特别留心的看到一组四号线运行的“满月”数据,一个月的时间里,地铁四号线共运送乘客累

计1584万人次。哇噻,真是不得了,仅仅一个月就有一千五百多万人乘坐了地铁四号线,如果把北京城所有的地铁线路加起来,一个月、一年那该有多少人乘坐地铁。

北京城的地铁历史有年头了,在我的记忆中,环线的2号地铁和贯穿东西的1号线地铁已经是很多年以前的事情,应该超过了我的年龄,在这“一圈一直线”平平稳稳的跑过多年之后,猛然之间,再看一下北京的交通图,快速便捷的地铁构成了布满京城的立体交通网。最近几年,是北京地铁发展最快的时期,每年都有新线路投入运营,我们基因组所是2007年由顺义的后沙峪迁到北辰西路的,大多数同事还住在后沙峪,我们了解到地铁15号正在紧张的建设中,在不远的将来,同事们也可以坐上地铁上下班了。

雪后初霁,空气格外清新,绿树上缀着白白的雪花,小月河还没有封冻,河水在缓缓的流淌着。地铁在带给我们方便快捷的同时,也在改变着我们的生活节奏和提高我们的生活质量,我们年轻的一代是幸运的,赶上了伟大祖国最快的发展阶段,我们要努力工作和学习,我们要珍惜大好时光,怀着一颗感恩的心,来感受幸福的生活。



基因组所和大气物理所 联合举办趣味运动会暨消防演习



10月20日下午，北京基因组研究所和大气物理研究所共同举行了“2009年大气物理所和基因组所研究生趣味运动会暨消防演习”共有200余名研究生同学参加了活动。

运动会当天秋高气爽，万里无云，“2009年趣味运动会”由大气物理所研究生部主任王英辉老师主持。伴随着运动会进行曲，两个研究所的7支运动队（基因组所组织了 two 支代表队）分别喊着“锻炼身体、服务社会”等口号进入赛场。同学们个个精神饱满。基因组所工会主席肖景发和大气所所长助理程新金分别讲话，他们希望通过此次运动会更好地促进两所交流，加强两所间的教育合作，同时，预祝运动员取得良好成绩。基因组所所长助理、研究生管理办公室主任王彩平、大气所研究生部刘荣华和孙鹏宇老师等参加了开幕式。

随着一声哨响，比赛正式开始。第一项是所有比赛项目中人数最多、场面最壮观、现场气氛最热烈的拔河比赛预赛。由于拔河这个项目的得分高于其他项目，并且特别考验团队协作能力，所以每个队伍都非常重视，派出最强阵容参加。当裁判哨声响起，此起彼伏的“加油”呐喊声顿时响彻在赛场上空。基因组所1队的同学在第一轮拔河比赛中充分发挥团队协作精神，每个人都竭尽全力，场边的同学也积极为他们加油呐喊。但是由于实力上的差距，我所1队在经过一段时间的僵持后还是输给对方，不过大家都为队友的精神感到骄傲。经过三轮角逐后，07硕、08博和基因组2队取得了复赛资格。倒数第二轮的拔河角逐中，基因组所2队表现出高昂的斗志和精神面貌，每个人都紧紧抓住绳子，摆好姿势做好战斗准备。一声哨响，队员们用尽全力，场边队友也是大声呐喊加油，气氛非常热烈。只见绳子上的小红旗开始往2队偏移，当小红旗离2队还有约20厘米的时候，比赛进入僵持状态。当大家以为只要再加把劲就能取得胜利的时候，2队队员的体能开始下降，红旗开始向对方偏移。最终由于体力不支，2队很遗憾的输给对方，不过大家这种敢于拼搏的斗志，奋发向上的精神面貌都让同学们深受鼓舞。

接下来进行的是五个趣味项目比赛：赶球、抛绣球、保龄球、呼啦圈过山车和拔河决赛。

赶球是指每队队员手持塑料棍把篮球依次赶至障碍物,并绕过障碍物,如此经过四个障碍物才能最终到达终点,并且每队由3名男生和2名女生接力完成。比赛过程中很多队员都开动脑筋,巧用手中的塑料棒,使得篮球滚得又快又准。抛绣球的规则是两名队员合作,其中一人背纸篓,另一人拿网球砸地后反弹到队友的纸篓中,以接到球最多的组为胜出组。这个游戏要求两名队员之间的相互配合默契,抛球的队员要依据队友的接球姿势决定抛球高低。虽然难度较大,场上还是不断传来了阵阵喝彩声,很多组的配合都非常成功,其中有很多同学表现出很强的协调性和合作精神。游戏“打保龄球”模拟了保龄球运动,以篮球代替保龄球,以矿泉水瓶代替球瓶,整个过程趣味横生。队员们使出浑身解数,有的用单手抛球,有的用双手滚球,妙趣横生,并且都能达到不错的效果,趣味性不亚于真正的保龄球。最精彩的比赛要数最后进行的呼啦圈过山车了。参赛的每队由十名队员组成,五名男生五名女生手拉手间隔排列,第一名队员手臂挂一个呼啦圈,当听到发令号后,利用身体的摆动移动呼啦圈给下一个队员,依次类推,直到最后一个队员

完全摆脱呼啦圈,游戏过程中除了传递队员外,两侧同学的脚都不允许移动。这个游戏的关键是两名队员间传送呼啦圈时要用巧力,一个抛,一个蹲下接,呼啦圈就顺利地向前传递了。很多参赛队都抓住了这个窍门,只见色彩绚丽的呼啦圈飞快地穿过一个又一个同学,场上气氛异常热烈。

在比赛的最后,为增强广大研究生的消防安全意识,明确消防安全责任,便于同学们学习消防安全知识,双方同学又举行了“2009年度研究生消防演习”,邀请了北京市消防局人员进行消防安全演习指导。消防安全演习活动中包括如何穿消防服,如何接消防水袋以及如何使用灭火器,每个步骤都有消防人员亲自示范后,再通过各队研究生每2个人一组进行演练。

这次活动让大家更多地学习了消防安全常识,熟悉消防器材的性能特点,掌握灭火、疏散、逃生技能,提高自防自救能力,同时了解火灾的危害性、明白火灾的扑救方法、知道预防火灾的措施,会使用灭火器、会逃生自救。做到“人人关心消防、处处注意防火”的群防群治的局面。切实加强了消防意识和应对火灾的能力。



研究生办
2009年10月21日

基因决定我爱你

科普小组
王玫



你一定知道你的上升星座魔羯使你有坚强执著的特性,你一定知道属狗的人忠诚笃定,但你一定不知道其实是基因决定了,我爱你。

你一定知道电脑这个家伙需要把任何数据转换成 01010101 这种像与“非门”一样简单的二进制序列才能完成运算,但还是比我们心算快得多的多。但你一定不知道,其实我们是由 ATCG 四个基本元素编码而成的,我们不仅有理性缜密的逻辑推理能力,还有理想、热情、激情在飞扬。

你一定知道世界上没有两片完全相同的树叶,你一定知道你不可能画出两个完全相同的鸡蛋,你也一定知道你不可能第二次踏进同一条河流,但你一定不相信我刚才振振有词的告诉你的那些对你起着决定性作用的基因也在不停地改变着。

你一定知道我们和那些吱吱乱叫偷粮食甚至会吓得女生魂飞魄散的小老鼠有时不得不共处一室,但你一定不会相信你和可爱的它们共享 80% 的遗传物质和 99% 的基因。而有着迥异的思想、平行线般的生活方式的你我,每个细胞核内的核苷酸的排列

组合方式只差了 0.01%。就是这 0.01%，你是单眼皮黑溜溜的小眼睛，我是双眼皮棕色瞳孔。就是这 0.01%，让你在茫茫人海中仍然散发着与众不同的气质，让我深深地爱上你。

你一定会说，我这是伪装成科学的宿命论。那我们不妨宿命的说，遗传和环境，也不过是上帝手中的两枚骰子，要两个点数加起来，才看得出输赢。显然，欧洲皇室在这一局，输得彻底。亚历山大德丽娜·维多利亚女王从 1838 年继位至 1901 年去世，共在位 60 余年，成为英国历史上统治时间最长的一位国王。这一期间也是英国历史上的鼎盛时代，英国率先开始了工业革命，经济上也得到突飞猛进的发展，此时的英国被称为“统御七海”的“日不落帝国”。1840 年 2 月，21 岁的维多利亚女王和她的表哥阿尔拔亲王结婚，当时谁也没有想到，正是这场婚姻给她的个人生活带来了巨大的不幸并殃及欧洲 4 个皇室家族。皇室盛行通婚，在这个人数并不多的“小圈子”里，这样的习俗可以“门当户对”，保持皇室血统的“纯洁”。维多利亚女王的小公主们，美丽、高贵，自然是各国王子竞相追逐的对象。爱情，流淌在血液里，徜徉在每一个宫廷舞会上。殊不知，尊贵如神明般的女王，在她的 X 染色体上携带着一个小小的基因缺陷。维多利亚女王把这个隐形的嫁妆给了自己的小女儿们，而随着女儿的远嫁，潘多拉的盒子在各国皇室悄然开启。英王之子奥尔巴尼公爵利奥波德王子仅仅因为一次滑倒而出血过多致死；维多利亚女王的孙子弗雷德里奇两岁时因为出血过多而死；俄国年幼的沙皇幼子也终日忍受着旁人无法想象的疼痛。就这样，血友

病致病基因从英国皇室流传到了德国、西班牙及俄国皇族。男丁稀薄，皇室衰败，阴霾笼罩着整个欧洲大地，这在历史上是绝无仅有的悲剧。

往事已尘封，但我们可以想想看，皇室为什么喜欢近亲结婚。只是为了保住皇家的血脉，肥水不留外人田？矮灌木上的树叶都被吃光了，于是就有了够得到树梢上嫩枝芽的长颈鹿。正选择的理论于形态学，我们并不陌生。但你并不知道，你的体内也在跟着你求生的欲望悄然改变。乙酰胆碱受体基因的表达量，决定了肌肉松弛紧张的反应速度，也就决定了在一个冷箭过来，是一命呜呼，还是夺箭反击。钠离子通道基因表达出的蛋白，在细胞膜上形成完美的开关结构，决定了心跳的速率，也就决定了你是否有一个稳健强壮的心脏，甚至是否长寿。所谓的优良血统，实际上是一些优良的基因被保留下来。而这种优良的基因，正表达着人类渴求的适宜生存的、强壮的、甚至是美丽诱人的性状。男人爱丰满而又不失娇媚的女人，女人爱伟岸而又谈吐优雅的男人，这都不是意外。在日不落帝国盛世之前，欧洲各国常年处于混战当中，只有真正骁勇善战、又不失民心的人才得以达到统治地位。这是第一枚骰子，遗传。如果维多利亚的小公主不是在宫廷舞会上被某个英俊的王侯贵族俘获了芳心，而是偷溜出来爱上街边鞋匠的小学徒，那么这个 X 染色体上的小缺陷也许会在民间被负选择而渐渐消失。这是另一枚骰子，环境。上帝只不过是随手掷出，结果却是由基因在暗中安排。

你相信了吗？我爱你，这不是个意外。



带你进一步认识甲型流感

科普小组 杨明

在前几期的所刊上,我曾写过一篇关于甲型流感的文章——“解密猪源性 H1N1 型流感病毒”,主要介绍了甲型 H1N1 流感的基因组结构信息,传播途径等一些基本信息。随后的一段时间,甲流病毒曾经制造的阴霾,在夏日的阳光中曾似将消散。但好景不长,在寒冬来临时,甲流又对我们发动了新一轮的进攻。

10月27日,北京航空航天大学一名大一新生,因感染甲流而死亡。4天之后,湖南首例甲型流感危重病人医治无效死亡。截至11月13日,中国内地共有43人死于甲流,65927人被确诊;而在全球,死亡人数已超过5000人。《科学》杂志9月10日在线发表的一篇最新的研究论文预测,在一年的时间里,甲型 H1N1 流感将感染

25%到39%的世界人口。9月11日,在卫生部的例行发布会上表示:“中国绝大多数人口都是易感人群,据专家估计,今年秋冬,中国将有数千万人感染。”

与此同时,铺天盖地的甲流报道出现在各大媒体中,消息太多,并不一定是好事,特别是在国内国际很多消息看似矛盾的情况下,不少人可能感到无所适从。我查阅了一些相关的权威文件及一些国内外网站的报道,结合目前防治阶段出现的新情况,希望能说清楚一些问题,对大家有所帮助。

一、甲流致死的统计问题

卫生部门的统计数据是截至11月13日,累计报告死亡43例。因为我们很少听说因感冒死

人的事情,所以在心理上冲击比较大。事实上,过去我国的流感致死率一直极低的原因是统计方法不同,在死因统计里,WHO分为直接死亡原因、间接死亡原因和根本死亡原因。根本死亡原因是指最原始的疾病导致另一个疾病发生,造成死亡。之所以美国季节性流感平时得死好几万人,而我国很少听说得感冒死的,原因就是美国统计的是根本死亡原因,而我国过去统计的是直接死亡原因。比如有的病人得了甲流,造成严重肺炎,最后导致心脏病突发而死亡。按照WHO的算法,就是因流感致死,而我国原来的计算方法是因心脏病致死。但是这次甲流的致死率统计就是按照WHO方法计算的,如果按照原来的口径,可能在我国甲流致死率依然为零。

二、口罩到底应不应该戴

回答应该是,健康人能不戴就不戴,得感冒了就必须戴。原因很简单,甲流(也包括其他流感)主要通过飞沫传播,那些有感冒发烧咳嗽症状的人需要戴口罩,他们戴口罩是减少把疾病传染给其他人的几率,其他人没有必要戴,除非是需与甲流患者接触,或长时间处于人员密集且不通风的场所。

其实医学界一直对人们上街戴口罩防传染性疾病有争议。2003年4月,广州疾病预防控制中心的专家就提出,人们戴口罩上街不能预防SARS,而且会造成人们的心理恐惧,注意勤洗手才是重要的个人防护措施。有专家也认为:戴口罩并不能有效防止甲型H1N1流感,公众的恐惧情绪本身就会对健康造成危害。但如果人们戴上口罩感觉有安全感的话,那戴着也无妨。在去郊外、公园

游玩或逛街的时候没有必要戴口罩。

另外,不是所有口罩都能防病:口罩一般可分为民用和医用两种。民用的有4层、6层、8层和12层棉纱口罩、含有化纤成分的混纺口罩、加一层活性炭的黑口罩和印有卡通图案的1到3层布口罩,其中只有12层棉纱口罩可阻止病原体的传播,因为甲流传播的主要载体是飞沫,直径大约是1-5微米之间,戴其他口罩根本不能起到阻隔作用;医用的有12、16、18和20层棉纱口罩、滤材口罩、符合N95或FFP2标准的防护口罩,发热门诊和人感染猪流感隔离病房的工作人员必须戴N95口罩或12层以上棉纱口罩,加戴鼻夹的外科口罩。口罩只能一次使用,一旦湿了就起不了阻隔病原体的作用了。戴口罩应盖住鼻部,不要经常用手触摸口罩,也不能把口罩挂在脖子上反复戴。戴过的棉纱口罩可用500mg/L有效氯消毒液浸泡30分钟消毒,也可用压力蒸气蒸20分钟灭菌。

三、甲流是否发生变异

我国7-8月份甲流的发病情况处于较低状态,而进入9月以来,山东、湖南、四川、山西等地出现的甲流聚集性疫情确诊病例数持续增加。许多学校出现数十例确诊病例,一些学校已经开始全面停课。研究表明,甲流病例最为集中的地方是家庭和学校。

科学家一直担心,人同时患上禽流感和新型H1N1流感之后,两种流感病毒的基因在人体内发生重配,变异成同时具有禽流感的毒力和甲型流感的易感性的“超级毒株”。

世卫组织在最新的公告中表示目前没有检



图 1

测到病毒发生变异,也没有迹象表明它已经变得更具毒性或更致命。所有国家的患者的临床表现也都说明病毒仍然是温和的。尽管病毒能够引发严重疾病乃至死亡。

四、疫苗安全吗,该不该打

在甲流再度爆发之时,抗病毒的疫苗成了众人仰望的一盏灯,可以依赖的一杆篙。你知道黑夜会降临,但你也知道灯会亮起。没有疫苗时,盼它早点出现,现在生产出来了,但是打还是不打却成了一个让人纠结的问题。

这种以超常规速度生产出来的疫苗,有人对它的安全性疑虑重重。一名医护人员甚至坦率地表示刚研制出来的疫苗不安全,更何况疫苗接种了也不一定保证以后不得甲流,因为流感病毒是各类病毒中最容易变异的。

对于目前这种“疫苗从研制到使用是不是太快”的质疑,国家疾控中心首席流行病学专家曾光解释道:“如果按照惯常的程序,疫苗可能再有半年

也还不出来。但是在甲流疫苗研制中,采取的是已经多次使用的老技术,是与季节性流感疫苗研制相似的技术,就像是一辆汽车,只不过把里面的发动机给换了一下,所以能够很快地进行大量生产。对将近一万人的试验表明,甲流疫苗的不良反应率低于季节性疫苗的不良反应率。”

(注:流感疫苗的生产是一项已有 50 年历史的技术:首先将流感病毒毒株注入已受精的鸡蛋中,等到病毒繁衍一段时间后,经过病毒灭活、纯化等程序,最终可以提取出疫苗原液。此次疫苗的生产工艺与往年的季节性流感疫苗基本相同。图 1)

我国甲流疫苗的接种坚持的是“知情、自愿、免费”原则,想打就打,但是对于重点人群应该是希望大家打。所谓重点人群一是保证公共服务系统的运转,也就是公务人员,水、电、煤、气、交通,包括医务人员;二是中小学生,因为孩子们在学校



图 2

校环境里接触时间长,接触距离近,频次高。(图2)

11月13日下午,卫生部新闻发言人介绍,目前,卫生部接到了地方卫生厅局报告的两例接种甲型H1N1流感疫苗以后的死亡报告,其中一例死亡病例已经作了尸检,初步判断为心源性猝死,基本排除甲型H1N1流感疫苗速发型变态反应导致的猝死。他表示,卫生部专家组进行了充分的讨论研究,认为在目前已经接种的1000多万人中,在将来接种到的2000万、3000万、1.5亿人,这么大的数量,发生极个别的、严重的异常反应和极个别的偶合事件,专家们认为是不可避免的。卫生部专家组进行了充分的讨论研究,认为极个别的偶合事件不影响当前接种的策略,目前我国实施的甲型流感疫苗的接种策略是科学的,方案是可行的,不会因为个别的偶合死亡事件做出调整,全国接种工作的开展也不会因此受到影响。

学术期刊《医疗评估》(Value in Health)近期发表的一篇文章指出,在对流感疫情的控制各种方法中,接种疫苗是成本效益最高的,而关闭学校是成本效益最低的。同时也指出,接种疫苗来增加人群的免疫,降低传染人数,它实际上能达到两个效果:其一,减缓病毒的传播,降低疫情的峰值,这样也就降低了医疗的压力;其二,降低总体的患病率和死亡人数。接种疫苗的效果严重取决于接种率和接种与大量传染开始之间的相对时间,疫苗需要覆盖70%的人口才能有效削弱甲流的传播。

打还是不打,归根结底还是个人选择的问

题。在打疫苗这件事上,你有知情权,把可能出现的不良反应都告诉你,有的人看到后就掉头不打了。有的人觉得宁可挨这一针来规避得甲流的风险。在不用“必须这么做”而可以自己选择应该怎么做时,即使有问题,也是小问题。

也许正像世界卫生组织驻华代表蓝睿明博士所说的:“世界上没有任何东西是绝对安全有效的,关键是在疾病带来的危害与疫苗可能存在的风险之间作出权衡。”

五、为什么不少消息看似矛盾

这个原因很复杂。首先是情况在不断发展,比如我们非常信任的钟南山院士在几个月前,就公开表示不十分支持大规模地接种甲流疫苗,但是最近又表示支持接种。钟院士不是墙头草,改变主意的原因是经过大规模的接种实验和实践,证明甲流疫苗是安全的。其次是有些观点还需要验证。比如对重点人群的疫苗接种对甲型H1N1流感大面积暴发会不会起到屏障作用,各方专家还在争议。最后是由于掌握的信息不完全一致,有关方面(比如国家和地方,各地之间)公布的消息也可能有些不太一致,这些的确会令人困惑,我们需要更权威的声音,及时正视听。

人类发展史证明,疾病的流行是一种常态,人类的历史就是不断和疾病作斗争的历史。此次甲型H1N1流感在全球的流行,是人类与病毒间的又一次较量,它考验的是我们的社会管理能力、公众的健康文明程度、专业诊疗技术水平以及我们在疾病面前的心态。只要我们有序、有备,冷静应对,就能打赢防控甲型流感这场特殊战争。

所徽带给我

喜悦与自豪

2009 级研究生 张文靖



2009 年 9 月 2 日，在研究生新入学的开学典礼上，所党委书记杨卫平在讲话中首先向我们新生展示了北京基因组研究所的新所徽，他详细介绍了新所徽的形成背景、设计理念及象征意义。会后每一名新同学都得到一枚制做精美的带有编号的所徽胸针。当我将漂亮的所徽别在胸前时，心中涌起十分喜悦和自豪，觉得自己非常幸运，在辛苦努力之后终于能够进入这样良好的科研环境中学习，一切都是新的，新的环境，新的老

师，新的同学。能戴上宛如 DNA 螺旋的所徽是我的荣耀。她将陪伴我走过未来的科研学习路程。她也像一个嫩芽，在我的胸前，富有生机，富有力量。就像北京基因组研究所这个团体，将赋予我新的思想，新的人生。

杨书记以轻松的语言向我们讲述了严肃的人生道理，为我们指明了方向，他指出，一个人的成功，需要 6 大因素：聪明、努力、身体、心理、策略和志向。先天的因素是客观存在的，但不是最重要的，更重要的是后天的勤奋努力、健康的身体、正确的心态，这些都是成功的条件。只有树立远大的理想，才有成功的落脚点。在谈论如何才能成功时，杨书记着重指出，在相似条件下采取不同的策略将对成功产生重大影响。他以中科院德高望重的李佩先生为榜样，鼓励学习李佩先生的爱国精神，奉献精神，勤俭朴素的个人风格和其细致严谨的工作作风。

杨书记深入浅出的话语，让我思索良多。每一个成功者都有一个开始。我和我的同学能有幸

在一个良好的平台,受到良好的教育,能在这里接受世界最前沿的思想,这是我们将来走向成功的良好条件。

古人云:“取天下之聪明,以我生之聪明”,通过杨书记的启发懂得了成功不能光凭个人单枪匹马地去发挥自己的才智,还要善于博采众长,广泛收集他人的智慧。然而,“少壮不努力,老大徒伤悲”,懂得成功是什么并不能成功,“成功等于百分之一的灵感加上百分之九十九的汗水”,非要努力才能成功。有个好的身体才能好好努力,“利身体,便形躯,养寿命,垂拱而天下治”,好的身体是成功的本钱。与此同时,良好的心理状态与良好的身体一样重要,甚至有人说,健康的心理和身体比成功更重要。心情好的人最能发挥潜力;快乐能提高效率、创造力和正确决策的概率;快乐的人有开明的思想,愿意帮助别人。与其说快乐带来成功,还不如说成功的目的是带来快乐。我们追逐自己的理想和兴趣,其实做自己想做的、有兴趣的事情就是一种快乐。所以,快乐比成功更应成为我们的最终目标。

杨书记讲话完毕,在海外留学多年的导师们结合自己科研生涯,与同学们分享了科研与做人的经验,并提出了对我们新入学的研究生的期望和祝福。

曾长青老师提出了三个C (curiosity、creativity、collaboration)、刘斯奇老师提出了2个C (chance、change),杨运桂老师提出了3个R (right question、right approach、right person),吴琳、雷红星、方向东、王前飞、郭彩霞老师都做了非常精彩的发言。通过老师们诚恳的教导,我受益匪浅。感

受到了来自导师们的谆谆教诲和殷切期待。导师们联系自身的经验,从如何做一个研究生,讲到如何进行科研,再讲到如何做人,讲到如何紧张,快乐而又充实的度过研究生阶段。

我从未听过如此动听的演讲,因为导师们说的是自己的故事,从未现场听过如此感人的演讲,引人深思,起到了开学养正的作用,因为导师们展现出了他们对于科研的热爱和他们对于培养研究生们的认真负责精神。导师们严谨的工作作风,谦虚的求学态度,渊博的知识,对工作对生活的热爱,值得我用一辈子时间去学习。我的心里充满感激,我愿意努力,在这个新的环境里,骄傲的开始我的科研学习历程,将来成为一个对社会有杰出贡献的人,一个能够承担责任的人。

小小的所徽带给我幸运,带给我喜悦与自豪,在我的人生道路上永远闪光。





国是荣誉的毅力

家是幸福的洋溢

2009级研究生 杨莹

十一长假，悄然离去，但是留在每个国人心中的岂止是一趟旅行，一沓照片，一缕回忆，一首歌曲，更有对国与家最深层次的感受和理解。

庄严神圣的阅兵仪式过后，我们迎来了欢乐祥和的联欢晚会，即便交通管制依然如初，复兴门地铁口还是涌动着兴奋的人群，大家高举着手中的相机、手机，捕捉着天安门广场上空那精彩纷呈变化莫测的烟花，人们用自己的方式诉说着心中的感动，诉说着对祖国母亲的爱，诉说着作为中国人的荣耀。成龙和刘媛媛的一曲《国家》深情地唱出了每个人的心声，精准地诠释了六十年的家国情怀。

十月的北京城焕发着从未有过的活力，十月的天安门广场攒动着不息的人群，人们流连于金水桥边注视着庄严的天安门城楼，往返于五十六

根民族团结柱和一辆辆各具特色的花车之间，驻足于毛主席纪念堂前久久不肯离去，想把对家国的情谊做更深层次的存储。无论是繁华热闹的王府井大街，还是宁静清逸的香山公园，无不洋溢着大大小小的幸福，它来自于每一个人，每一个集体，每一个家庭，但都源于我们生长于这样一个可亲可爱的国家。

神圣的阅兵仪式，让我们感受到了国家强盛的荣誉；欢乐庞大的群众游行，让我们感受到了民族大家庭的凝聚力。祖国的生日过去了，欢乐的盛会过去了，十一长假过去了，然而我们依然会与祖国同在，记录祖国的成长经历，记录身边的每一份感动，记录一段属于未来的满怀着荣誉洋溢着幸福的历史。

迎接朝阳，拥抱今天

2009 级研究生 郭丹

海鸟只有在属于他们的那片蓝天里，才能畅快地飞翔；汗水只有在努力过的人身边流过，才能显得淋漓尽致；山脉只有在延绵不断的绿树中，才能为人们所赞叹、欣赏！中科院是一个神圣的地方，他需要靠自己有思想的选择，进入渊博之门的我们应该更努力，更珍惜这份礼物！

人的一生都要经历许多阶段，比如说纯真无邪的少年时代，激情如光的青春岁月，厚重沉稳的中年时期，从容淡定的人生暮年。每个时候都有独特的风景，每段岁月都会给人不同的感受。如今我们处在青春岁月，就要努力拼搏，成就未来。只要相信自己，任何地方都是能开始的地方。现在所经历的人生的宝贵经验，是实现梦想所要付出的努力。以一种平和的，稳定的，不屈的，积极的人生态度做好自己的学习和科研工作。

回想考研那段时光，一路上留下了许多汗水和泪水。然而，如今再一次回味，才发现自己一天天成熟，一点点长大。研究生的生活是复杂的，但也是简单的，这里有新的感慨、新的选择、新的挑战。研究生如何训练自己？就是每天、每周或每个月给自己一个挑战，要每隔一段时间就给自己一个挑战，挑战一个你做不到的东西，你不一定要要求自己每次都能顺利克服那个挑战，但是要努力去尝试。研究生的生活，会让我们很大程度上接受独立思索和自主抉择的考验，这些给了我们新的机会，也给了我们把握机会的力量。

我们要对研究生生活多一份热爱，多一份追求，不断地给自己充电，去阅读自己专业领域里

的各种各样的文献和书籍，我们现在已经进入另一个阶段，应该学会由接受各种有趣的知识，进入制造知识的阶段，由接受知识到创造知识，是身为一个研究生最大的特色，我们要学会在这个支点上站稳脚跟，迈向新的希望，新的成功。昨天永远的过去了，你绝对不可以再回头来经历一次昨天；明天还没有到来，你也绝对不可能见到明天的太阳。我们在现实中所拥有的生命只是今天，而且永远只是今天，所以必须把握现在，珍惜拥有。只有愉快、真诚、勤奋的过好每一个现在，也就过好了你的一生。今天就是一张新的白纸摆在你面前，如果你什么都不做，他永远是一片空白。

如果在研究生的每一天都能以愉快的心情去迎接朝阳，那么你就拥有了今天，也就拥有了一个美好灿烂的未来。拥有了每一个美好的今天，你就拥有一个完整的无愧无悔的人生。

最后，我将本着博学笃志，格物明德的精神，让他化作一股向上的力量，时时刻刻提醒我，激励我，推动我达到人生的目标。过去的永远不再来，未来的还需要努力。在这里，我们每个人都播种下属于自己理想的种子，并努力奋斗去实现它。中科院赋予我们更多的是责任感和使命感，作为一年级新生，让我们步入新的起点，怀着新的希望，踏上新的征程。这一刻，当朝阳洒满大地，让我们迎接朝阳，拥抱今天，一个伟大的开始正在研究生院的舞台前徐徐上演。



2009 级研究生 刘尊明

时光如梭,不舍昼夜,猛然想起发现自己已来研究生院两个月了,对于自己的所见、所闻、所想,在此一一堆砌出来,若难登大雅之堂,还请不要贻笑大方。

俗话说“民以食为天”,那让我先从咱食堂的饭菜说起吧!大家都说,一道好菜要色、香、味俱全,咱先把色、香放一边(毕竟生活品味还不够),就单说味吧!为什么酸、甜、苦都可以从食堂里品味到,就是没有辣味呢?唉,对于吃惯了川菜的我,还真没法享受食堂的盛宴,再加上水土不服拉肚子,那滋味,真“难得”啊。在饥饿的折磨下,我毅然决然的放弃了自己的偏好,慢慢适应食堂大叔的口味!

多变的天气,昼夜温差较大。当然,北京大多数时候都是晴空高照,万里无云。但是,我觉得昼夜温差有点大,还有,到了晚上,风特别大,这可能是北方气候的特征吧!每次早早起床去中关村上课时,都得穿一件稍微厚一点的外套,但是,一到中

午气温就上升很多,一方面很热,一方面和别人穿的不一样,感觉自己像外星人,唉,很不自在!

北京的人,两个字——热情!我觉得嘛,任何事情都不是绝对的,就拿热情来说嘛,正因为成都人和北京人的热情,让我现在还没有学会用GOOGLE地图。怎么讲呢,因为他们很热情,只要在大街上随便捞个人,告诉他们你要到哪里,每次都能得到很满意的答案,你说,我要GOOGLE地图干什么呢?

淘气的孩子,繁华都市下的弱势群体。在来北京之前,有谁会想到,天子脚下也会有贫困儿童吗?有,真有,条件真差,还很多!这些小家伙们,就是进京农民工带过来的子女,他们是祖国的未来,是民族的希望,但是,他们的教育条件很差。作为一个接受过国家和社会资助过的学生,我有一个很简单的想法,就是把这份感恩传递下去,于是,我参加了支教,对象就是这些孩子。

逐梦的我……

预防甲型 H1N1

流感小知识

预防甲型 H1N1 流感提倡勤洗手,尤其是在咳嗽或打喷嚏后要洗手。正确的洗手方法包括以下 5 个步骤:



- 1、湿:在水龙头下把手淋湿,包括手腕、手掌和手指均要充分淋湿。
- 2、搓:双手擦肥皂或洗手液,搓洗双手的手心、手背、手指、指尖、指甲及手腕,最少洗 20 秒。
- 3、冲:用清水将双手彻底冲洗干净。
- 4、捧:捧水将水龙头冲洗干净,或用擦手纸包着水龙头关闭。
- 5、擦:用擦手纸或干净毛巾将双手擦干。

整个洗手的过程至少持续 30 秒才能达到有效的清洁。

另外,我们还要注意日常礼节。咳嗽或打喷嚏时用纸巾、毛巾等遮住口鼻;咳嗽或打喷嚏后要洗手,并尽量避免触摸眼睛、鼻或口。

倡导公众保持健康行为。如充足睡眠、合理营养、锻炼身体等。

保持家庭和工作场所环境清洁和良好通风状态。

本刊编辑



Bad drivers? Blame their genes

No need to curse that bad driver weaving in and out of the lane in front of you — he cannot help it, U.S. researchers reported on Wednesday.

They found that people with a particular gene variant performed more than 20 percent worse on a driving test than people with a different DNA sequence.

The study may explain why there are so many bad drivers out there — about 30 percent of Americans have the variant, the team at the University of California Irvine found.

"These people make more errors from the get-go, and they forget more of what they learned after time away," Dr. Steven Cramer, who led the study published in the journal *Cerebral Cortex*, said in a statement.

Cramer and his team tested 29 people — 22 without the gene variant and seven who had it — asking them to drive 15 laps on a simulator and then repeat the task a week later.

To their surprise, they found that those with the mutant gene did worse, consistently.

The gene controls a protein called brain-derived neurotrophic factor, which affects memory.

The team was not really looking for insights into driving but chose the driving test because it uses common skills.

"I'd be curious to know the genetics of people who get into car crashes," Cramer said. "I wonder if the accident rate is higher for drivers with the variant."

本刊选稿