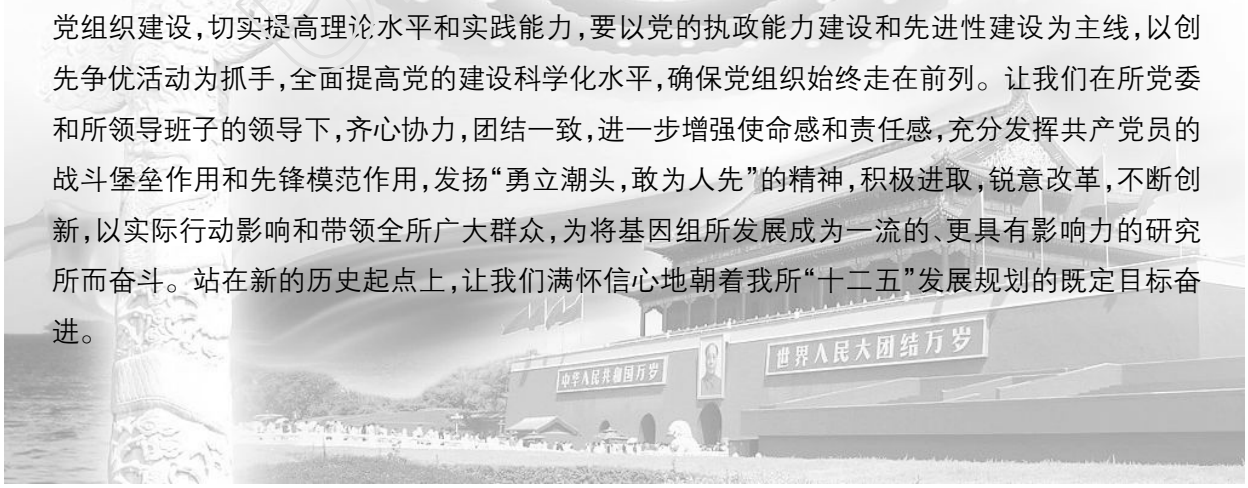
星火燎原：红旗飘飘九十年

中国共产党自 1921 年诞生以来，走过了 90 年光辉历程。90 年来，我们党紧紧依靠和紧密团结全国各族人民，经过艰苦卓绝的斗争、坚持不懈的奋斗，开辟历史新纪元，缔造了新中国，确立了社会主义制度，实现了中国历史上最深刻的社会变革；开启历史新时期，引领中国人民走上了中国特色社会主义道路，迎来中华民族伟大复兴的光明前景。中国共产党成立以来的 90 年，是为中华民族独立、解放、繁荣和中国人民自由、民主、幸福而不懈奋斗的 90 年，是推动中国发生翻天覆地变化、不断实现历史性进步的 90 年，也是一代又一代中国共产党人在革命、建设、改革进程中发挥先锋模范作用、团结带领人民战胜各种困难和风险顽强奋进的 90 年。

90 年的伟大历程雄辩地证明：没有共产党，就没有新中国；只有在中国共产党的坚强领导下，国家才能繁荣富强，人民才能生活幸福，中华民族才能实现伟大复兴！

而基因组学是一门大科学，位于世界生命科学研究的前沿地位，其学科特色具有原始创新性、基础性和前瞻性。近年来，在院党组的领导下，经过基因组所党委、所领导班子及全所职工的共同努力，特别是党员干部的共同努力，研究所发展迅速，取得的很好的成绩。6 月 24 日，在中科院举行的庆祝中国共产党成立 90 周年暨创先争优活动表彰大会上。中科院党组书记、院长白春礼出席会议并发表讲话，中科院党组副书记、中科院党建领导小组组长方新宣读了《关于表彰中国科学院先进基层党组织、优秀共产党员和优秀党务工作者的决定》。我所党委书记杨卫平同志荣获“中国科学院优秀党务工作者”光荣称号。这是院党组对我所一直以来的党务工作和研究所发展的充分肯定。

当前，我所的发展到了关键时刻。研究所的科研方向已经明确，科研组织框架体系也已建立，适应新形势，应对新挑战，完成新任务，必须进一步加强和改进党的自身建设，要着力推进学习型党组织建设，切实提高理论水平和实践能力，要以党的执政能力建设和先进性建设为主线，以创先争优活动为抓手，全面提高党的建设科学化水平，确保党组织始终走在前列。让我们在所党委和所领导班子的领导下，齐心协力，团结一致，进一步增强使命感和责任感，充分发挥共产党员的战斗堡垒作用和先锋模范作用，发扬“勇立潮头，敢为人先”的精神，积极进取，锐意改革，不断创新，以实际行动影响和带领全所广大群众，为将基因组所发展成为一流的、更具有影响力的研究所而奋斗。站在新的历史起点上，让我们满怀信心地朝着我所“十二五”发展规划的既定目标奋进。



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

二〇一一年7月 总第二十二期

主　　编:杨卫平
责任编辑:张玉琪　徐　磊
封面设计:徐　磊

地　　址:北京市朝阳区北土城西路7号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

1 星火燎原:红旗飘飘九十年

热点聚焦

4 学习贯彻胡锦涛总书记"七一"重要讲话精神
6 我所隆重召开庆祝中国共产党成立90周年党员大会 … 所党办
8 中科院外国专家特聘研究员和外籍青年科学家访问我所 科技处
10 于军谈"德国肠出血性大肠杆菌基因研究及检测手段" … 综合办
12 四室一中心之"重大疾病基因组与个体化医疗实验室" 张大可

科研学术

14 我所合作研究揭开两种家养水稻起源进化"篇章" …… 翟巍巍
16 "混合性白血病基因组研究"论文在《Blood》发表 …… 和夫红
18 DNA末端切除:从模式生物到人类本身 …… 周东平

合作交流

23 我所与挪威奥斯陆大学成立"基因组结构和稳定性联合实验室"
…… 杨运桂组

UnRegistered

2011 年 7 月 **总第 22 期**

CONTENTS

24 英国医学研究理事会代表团访问基因组所 …… 严江伟
25 李俊雄副所长率队到长春分院调研座谈 …… 严江伟

党群园地

26 杨卫平书记荣获 " 中国科学院优秀党务工作者 " 称号 … 所党办
27 关于表彰我所先进党支部、优秀党员、党务工作者的决定 所党委
28 我所小合唱荣获院建党 90 周年红歌会三等奖 …… 所工会

科普之窗

29 催熟香蕉,请不要赋予恐怖光环 …… 谢 彬
31 走进 RNA 的世界 …… 黄春敏

成长博览

33 集中村 –– 温总理眼中的 " 社会主义新农村 " …… 徐 磊
38 在集中村关于孩子成长情况调研的几点感受 …… 徐 磊

趣味天地

40 给自己筑起一道篱笆 …… 本刊编辑

UnRegistered

学习贯彻胡锦涛总书记

珍惜伟大成就

Unregistered

胡锦涛总书记“七一”重要讲话在回顾党90年奋斗历程、总结党和人民创造的宝贵经验后深刻指出,党和人民必须倍加珍惜、长期坚持、不断发展的成就是:开辟了中国特色社会主义道路,形成了中国特色社会主义理论体系,确立了中国特色社会主义制度。

一面旗帜、一条道路、一个理论体系、一项制度,凝结着一代代中国共产党人不懈奋斗的精神和开拓创新的智慧,是我们党在长期奋斗、创造、积累的基础上领导人民进行改革开放和社会主义现代化建设所取得的伟大成果,必须倍加珍惜、长期坚持、不断发展。

中国特色社会主义是指引中华民族走向复兴的伟大旗帜,是一条道路,也是一项事业;是一个理论,也是一种实践;是一种制度体系,也是一个历史进程。无论是道路、事业,还是理论、实践,最终要固化下来,成为一种制度。制度更带有根本性、全局性、稳定性和长期性。改革开放以来,无论是在党的建设上,还是在国家经济和社会建设上,我们党都越来越注重加强制度建设。建设中国特色社会主义,要在科学理论指导下沿着正确的道路不断推进,最根本的是落实到制度上,落实到一整套严密、

“七一”重要讲话精神

高举伟大旗帜

完善的制度体系上。

这种制度不是一蹴而就的,而是在实践基础上不断探索和逐步建立起来的。新中国成立后,我们逐步建立了社会主义基本制度。改革开放后,我们对经济、政治、科技、文化、教育、社会等各方面的体制进行改革,不仅使社会主义的基本制度得到了坚持,而且使各方面的体制得到了改善,进一步增强了活力和生机。

胡锦涛总书记在“七一”讲话中明确提出了“中国特色社会主义制度”范畴,宣告我们推进社会主义制度自我完善和发展,在经济、政治、文化、社会等各个领域已经形成一整套相互衔接、相互联系的制度体系。这就如同开辟了中国特色社会主义道路、形成了中国特色社会主义理论体系一样,我们已经“确立了中国特色社会主义制度”。

坚持这一制度体系,就是要坚持人民代表大会制度这一根本政治制度,中国共产党领导的多党合作和政治协商制度、民族区域自治制度以及基层群众自治制度等构成的基本政治制度,中国特色社会主义法律体系,公有制为主体、多种所有制经济共同发展的基本经济制度,以及建立在根本政治制度、基本政治制度、基本经济制度基础上的经济体制、政治体制、文化体制、社会体制等各项具体制度。

确立中国特色社会主义制度,是中国共产党长期奋斗、逐步积累的成果,是改革开放以来取得的历史性成就。这一制度,符合我国国情,顺应时代潮流,有利于保持党和国家活力,调动广大人民群众和社会各方面的积极性、主动性、创造性;有利于解放和发展社会生产力,推动经济社会全面发展;有利于维护和促进社会公平正义,实现全体人民共同富裕;有利于集中力量办大事,有效应对前进道路上的各种风险挑战;有利于维护民族团结、社会稳定、国家统一。它集中体现了中国特色社会主义的特点和优势,是当代中国发展进步的根本制度保障。

中国在前进,中国特色社会主义制度在发展。邓小平同志曾设想,到建党 100 周年时,要争取在各方面形成比较成熟的制度。党的十七大把“各方面制度更加完善”列入全面建设小康社会的新要求中。胡锦涛总书记在建党 90 周年之际宣告“确立了中国特色社会主义制度”,既是对改革开放以来伟大成就的充分肯定,更是对进一步丰富和完善这一制度的号召和要求。面对风云变幻的国际形势,面对艰巨繁重的国内改革发展稳定任务,我们一定要高举中国特色社会主义伟大旗帜,坚持和拓展中国特色社会主义道路,坚持和丰富中国特色社会主义理论体系,坚持和完善中国特色社会主义制度,创造中华民族更加美好的未来。

摘自:新华网北京 7 月 3 日电

Unregistered

基因组所隆重召开“庆祝中国共产党成立90周年”党员大会

所党办　张　欣

Unregistered

在中国共产党90岁华诞即将到来之际，6月29日下午，北京基因组研究所隆重召开庆祝中国共产党成立90周年党员大会。京区党委协作一片组织员李利军、基因组所所长吴仲义、副所长兼纪委书记李俊雄等领导出席会议。全所党员和群众150余人参加了大会。

大会在激昂的《国际歌》声中开幕。受因出差无法到场的党委书记杨卫平委托，李俊雄副所长兼纪委书记首先讲话，代表所党委向全所党员致以节日的祝贺，并作了题为《星火燎原：红旗飘飘90年》的主题报告。讲话和报告通过大量丰富的材料和详实的数据回顾了中国共产党90年来的风雨历程和中国科学院的发展历史，并结合当前世界科技发展态势和研究所实际对未来的创新发展描绘了蓝图。他指出，基因组学是特色鲜明、具有前沿性和先锋性的学科，基因组所的发展也到了关键时刻。适应新形势、应对新挑战、完成新任务，必须进一步加强党的自身建设，全面提高党的建设科学化水平。他希望全体党员齐心协力、团结一致，进一步增强使命感和责任感，充分发挥共产党员的先锋模范作用，发扬“勇立潮头，敢为人先”的精神，积极进取，锐意改革，不断创新，立足本职

岗位，争创一流业绩，以实际行动影响和带动全所广大群众，为将基因组所建设成为国际一流的研究所而努力奋斗。

会上，党委集中展示了近年来研究所党群工作荣获的各项荣誉和奖项，并向全所各支部、各部门领导和同志们的大力支持和帮助表示衷心的感谢。其中，在 6 月 25 日刚刚结束的中国科学院京区庆祝建党 90 周年红歌演唱会上，我所合唱节目《四渡赤水出奇兵》荣获三等奖，本次大会合唱团进行了精彩的汇报演出，赢得了与会人员的热烈掌声。

为表彰先进，会上全体党员对基因组所优秀共产党员和党务工作者候选人进行了投票评选，最终结果将在党委会审核后公布。

最后，全体与会人员齐唱一曲《没有共产党就没有新中国》，向党的生日送上了诚挚的祝福。

“雄关漫道真如铁，而今迈步从头越”。当前，基因组所的科研方向已经明确，科研组织框架体系也已建立，站在新的历史起点上，面对前进道路上的各种机遇与挑战，基因组所全体同志将以此为契机，承前启后，继往开来，攻艰克难，创新跨越，努力完成“十二五规划”和“创新 2020”的发展目标，在科技事业的万里长征路上不断夺取一个又一个胜利，为党和国家作出新的更大的贡献！

Registered

中科院外国专家特聘研究员和外籍青年科学家访问基因组所

综合办 徐 磊

白春礼院长与基因组所杨运桂研究员及外籍青年科学家Jannie M.R.Danielsen博士合影

6月9日至10日，“2011年中国科学院第二届外国专家特聘研究员和外籍青年科学家工作交流活动”在北京举办。来自世界各国不同领域的70多位外国科学家参加了活动。中国科学院院长白春礼院士出席开幕式并讲话。中国科学院副院长李家洋、国家外国专家局副局长陆明、国家自然科学基金委员会副主任何鸣鸿出席了本次活动。与北京基因组研究所合作的我院外籍青年科学家Jannie M.R.Danielsen博士等十位外国专家在大会作了专题报告，他们从各自的研究领域深入交流了与中科院相关研究所合作的收获与体会。会后，外籍专家组成员按基础研究、生命科学研究、资源环境研究、高技术研究4个专业领域进行了分组交流研讨。

6月10日，外国专家特聘研究员和外籍青年科学家生命科学研究领域交流组一行近30人，到中科院北京基因组研究所参观座谈。基因组所副所长于军、副所长李俊雄，科技处处长严江伟，重大疾病基因组与个体化医疗实验室主任“百人计划”研究员曾长青，研究员杨运桂，平台负责人张兵、赵文明等一同接待了交流组一行，双方进行了

Unregistered

座谈及学术报告交流。

座谈会上，于军副所长首先向各位外籍专家的到来表示欢迎，并就基因组所的整体情况、研究方向、科研成果、国际合作等向来宾做了介绍。并与曾长青研究员分别就“中科院基因组学与信息重点实验室”及“重大疾病基因组与个体化医疗实验室”的科研情况向来宾作了介绍。随后，外籍专家交流组一行在杨运桂研究员等人的陪同下参观了基因组所基因稳定性实验室、大规模DNA 测序平台、高性能计算机机房，与相关实验室、平台负责人进行了沟通交流。当日下午中外科学家进行了专题交流研讨。借此机会，于军副所长向与所内杨运桂研究员在基因组稳定性、DNA 修复领域开展合作的外籍青年科学家 Jannie M.R.Danielsen 博士颁发了聘任证书。

会后，中外科学家认为，中国科学院实施的“外国专家特聘研究员计划”和“外籍青年科学家计划”，是探索科技创新与人才培养结合的新模式，有利于优化科技创新队伍，有利于促进中国科研团队与外国优秀科研人员合作，是提升中国科技国际化的有益之举。

为吸引更多的外国资深科学家和外籍青年科学家参与中国的科技创新工作，不断深化中国科技界与世界各国的科技合作，逐步提升中国研究机构的国际化水平，中国科学院于 2009 年率先设立“外国专家特聘研究员计划”和“外籍青年科学家计划”。计划实施以来，经过严格的评审遴选，已有 477 位资深外国科学家和 179 位外籍青年科学家分别获准纳入两项计划。基因组所两年来通过该项计划聘请引进了 4 名外国专家特聘研究员和 4 名外籍青年科学家，为研究所国际合作交流人才计划的持续实施奠定了良好基础。

基因组所学术交流会现场

外籍专家组成员参观基因组所

于军副所长为外籍青年科学家 Jannie M.R. Danielsen 博士颁发聘任证书

UnRegistered

于军副所长畅谈“德国肠出血性大肠杆菌基因前沿研究及检测手段”

2011 年 7 月 5 日下午，中科院北京基因组研究所副所长于军研究员，中国疾病预防控制中心传染病预防控制所所长徐建国研究员以及军事医学科学院微生物流行病研究所杨瑞馥研究员，受邀前往中国科技会堂出席了由中国科协主办的“第六期“科学家与媒体面对面，“认识超级细菌——从德国肠出血性大肠杆菌到耐药性超级细菌”系列活动。三位专家分别就媒体和公众关心的科学问题——德国大肠杆菌食物中毒事件的影响、传播途径以及如何预防等与大家进行了座谈交流并现场回答了记者提问。本次活动的举办，为提高公众对大肠杆菌及耐药性细菌的认识、发挥科学家在应对突发公共卫生事件方面的作用，以及引导公众正确看待疫情，加强预防意识，合理正确使用抗生素起到了积极的推动作用。

座谈上，徐建国研究员、杨瑞馥研究员首先做了题为“超级细菌与抗生素滥用”、“德国肠出血性大肠杆菌疫情及预防 ”的科普报告，他们从微生物学的角度介绍了关于细菌的基本知识和近期发生的德国肠出血性大肠杆菌事件的基本情况。

随后于军研究员做了题为 “德国肠出血性大肠杆菌的基因前沿研究及检测手段 ”的科普报告，他就细菌的科学检测方法、DNA 序列的测定及基因组研究的意义为大家做了讲解。他指出：科学家在过去 5 年里，利用 DNA 测序技术来揭示我们周围细菌的基因蓝图和它们之间的关系，测定这些细菌的 DNA 序列并建立数据库，这样我们就可以很容易找到它们的源头，来了解它们，然后找到治疗它们的办法。

接着于军解释说：基因组科学与技术的发展

Unregistered

在过去 20 年里发展迅速。从 1984 年提出要测定一个人的基因组，直到最终完成花了近二十年的时间。现在科学家正在进行上千个大型和重要物种的基因组测定，当然这些研究的对象也包括动物、蔬菜、庄稼等等，同时囊括了各种微生物。微生物的研究则主要针对健康、能源、水资源与生态环境。我们有两种基本方法，一是“泛基因组”，它的目的就是揭示一个物种的全部变化，比如研究不同脊椎动物肚子里的大肠杆菌，从鱼到蛇和蜥蜴等。另外一个是“宏基因组”研究，它的目的是研究一个微环境里的所有微生物的 DNA 序列。这两个研究都非常重要。

接着有记者问道：“现在中国有没有掌握 DNA 测序技术的核心知识产权？”时，于军再次介绍说：DNA 测序技术在过去十年里一直在发展，第二代测序仪在 2006 年就上市了，现在已经在研发使用第三代测序仪了。现在我们测定一个人的基因组价格大概在 5000 美元左右，这个价格已经是非常低了，人类基因组计划，那时候要 30 亿美元。目前，我所和半导体所正在合作进行 DNA 测序仪的研发工作，并已经取得重要进展。第二代测序仪系统样机已经面世，相关学术论文也在《中国科学：生命科学》发表。

最后于军总结说：“我们生命的起源，从 RNA 世界到 DNA–RNA– 蛋白质世界，物种基因组一直在变化。我们可以回顾一下地球的历史，还没有任何一个时代因为一种细菌把地球上所有生命都杀掉。地球上的生命不断层出不穷，变化无穷，我们人类是脊椎动物的最高形式，变得越来越复杂、越来越聪明，但不是所有的物种都是变得越来越复杂。细菌这类东西就没有越来越复杂，它们越来越具有“鲁棒性”。我们讲大部分细菌都是人类的朋友，它在那个环境里面也不见得能够改变这个环境，它有时只是那里面很小的部分而已，我们首先要认识它，从心理上先战胜它，然后才能预防它，这对我们大众来讲是非常重要的。”

科学家与媒体面对面第六期带您“认识超级细菌”报道详细链接：

http://www.uisp.org.cn/2011–07/02/content_4307768.htm

名词解释：鲁棒是 Robust 的音译，也就是健壮和强壮的意思。鲁棒性(robustness)就是系统的健壮性。它是在异常和危险情况下系统生存的关键。

综合办　徐　磊

UnRegistered

四室一中心之：“重大疾病基因组与个体化医疗实验室”

UnRegistered

中国科学院北京基因组研究所的“重大疾病基因组与个体化医疗实验室”成立于 2010 年 12 月。实验室立足重大疾病的基因组学研究，以个体基因组学与群体基因组学相结合的创新思路和所获得的重要进展为主要切入点，应用不断更新的高通量核酸序列分析技术和算法，结合表观基因组学和系统生物学的研究策略和手段，探索重大疾病发生发展机制及促进基因组学研究成果在临床医学中的应用。

一、实验室定位和发展目标

实验室的总体定位设想为针对中科院在十二五期间重点开展人口健康和普惠医疗的重大科研方向，立足肿瘤基因组和重大疾病的基因组学研究，以基因组所近期提出的正常与肿瘤细胞突变的群体基因组学的创新思路和所获得的重要进展为主要切入点，应用不断更新的高通量核酸序列分析技术和算法，巩固和大力扩展基因组所在肿瘤发生发展机制研究方面的领先地位。同时，发挥实验室骨干成员在肿瘤进化、群体基因组学、表观基因组学、系统生物学等方面的研究优势和成果，力争在肿瘤基因组的基因表达调控、分子通路网络和肿瘤发展机制的研究以及若干重大疾病的易感 / 致病基因定位研究获得重要突破和进展。实验室将实施民主集中和透明的实验室管理，所有运作旨在建立开展团队的合作研究，凝练拳头项目

与支持 PI 独立课题并举，营造和谐活跃的学术氛围和共同培养研究生的学术框架与环境。

实验室的学术发展目标是以肿瘤基因组特别是具有首创性的肿瘤细胞的突变产生与谱系传递分析研究为主线，同时用群体基因组学和计算生物学的策略和手段开展基因组与表观基因组等多种层次的肿瘤与疾病的基因表达调控与分子通路和网络研究，逐步形成在具有国际领先水平和自身研究特色、乃成学派的研究团队。

二、主要研究方向和内容

根据目前实验室主要参加人选的研究课题与意向进行凝练和整合，实验室的主要研究方向如下：

1.正常体细胞分化和肿瘤细胞发生、转移的群体基因组学。

2. 肿瘤组织与微环境的全基因组基因表达调控及其分子通路与网络的研究。

3.DNA 甲基化、组蛋白修饰和 microRNA 的表达调控在肿瘤发生和转移中的作用与机制。

4.DNA 多态和突变在肿瘤与疾病发生的相关性研究与基因定位。

根据上述方向，实验室将在群体遗传学的理论构架上进行肿瘤基因组、特别是正常和肿瘤细胞的突变产生与谱系传递的比较分析，利用计算生物学的方法手段，在全基因组规模分析正常和肿瘤细胞的基因表达、转录调控网络、分子通路节点等的分析，从而评估基因多态性和突变对于正常和肿瘤细胞发育的影响，从细胞的单个突变到微环境的分子通路和调控网络变化来比较肿瘤与正常组织的起源与进化，及其基因表达紊乱导致肿瘤的遗传学机理，并了解肿瘤细胞发育和分化过程中的表观遗传学调控规律和 DNA 损伤修复基因介导的维持基因组稳定性和抑制细胞癌变的机制。最终解释体细胞突变和肿瘤发生的分子机理，鉴别肿瘤发生的关键突变，为开发肿瘤基因治疗的新途径提供理论依据。

三、实验室建设和组成

实验室的运作旨在为团队合作研究、营造和谐活跃的学术氛围和共同培养博士研究生提供学术框架与环境。日常科研主要支持 PI 自由探索的独立课题，同时根据研究方向和所、院的部署凝练少数实验室的拳头项目。另一方面，在纵向的大型相关项目招标中，作为一个实力突出的团队或者支持实验室的 PI 积极申请争取课题。

实验室由独立 PI 的课题组组成。目前课题组长包括方向东、郭彩霞、孙英丽、王前飞、吴仲义、杨运桂、曾长青、赵永良。实验室还拥有吕雪梅、蔡军研究员，牛亚梅、聂凌虎、翟巍巍副研究员等骨干科研力量。

重大疾病基因组与个体化医疗实验室

张大可

UnRegistered

基因组所合作研究揭开两种家养水稻起源进化“篇章”

基因组与生物信息平台　翟巍巍

6 月 13 号，美国纽约时报（The New York Times,美国纽约出版的日报，面向世界发行，长期以来拥有良好的影响力和权威性）的科学专栏(Science Columns), 以《水稻基因组揭示了品种杂交》(Tracing of Rice Genomes Reveals Cross-Breeding) 报道了我国科学家在水稻研究的最新进展，并采访了文章的通讯作者之一的中国科学院北京基因组研究所所长吴仲义。

水稻是最重要的粮食作物之一，供养着超过三分之一的世界人口。在我国及周边很多亚洲国家，水稻是关乎国家民生大计的重要命脉。而目前，家养稻共分为粳稻和籼稻两种品系。粳稻主要生长分布于中国北部、日本、韩国等高纬度地区。而籼稻主要生长分布在中国南部、东南亚、印度等低纬度地区。水稻是人类从打猎采集的生活状态转到农业栽种的过程中，被人类驯化培育的重要植物物种。两种家养水稻的起源和演化，一直是进化生物学家、历史学家和考古学家所关心的热点问题。

通过分子生物学和形态学的研究，有学者认为，两种家养稻是独立起源的。它们分别由不同地区的不同人群，在不同地点驯化而成。而另有学者

则持不同观点，他们认为，两种家养稻是一次起源的，它们的存在只是驯化后物种适应不同的地理环境的结果。两派学者各持证据，一直以来未有定论。

在 6 月 9 日最新一期发表的开放刊物 PLOS Genetics 上，来自中国科学院北京基因组研究所的吴仲义研究员和中山大学施苏华教授的合作研究及其发表文章《水稻基因组两种进化历史：驯化基因的角色》(Two Evolutionary Histories in the Genome of Rice: the Roles of Domestication Genes)，揭开了两种家养稻起源进化的重要篇章。

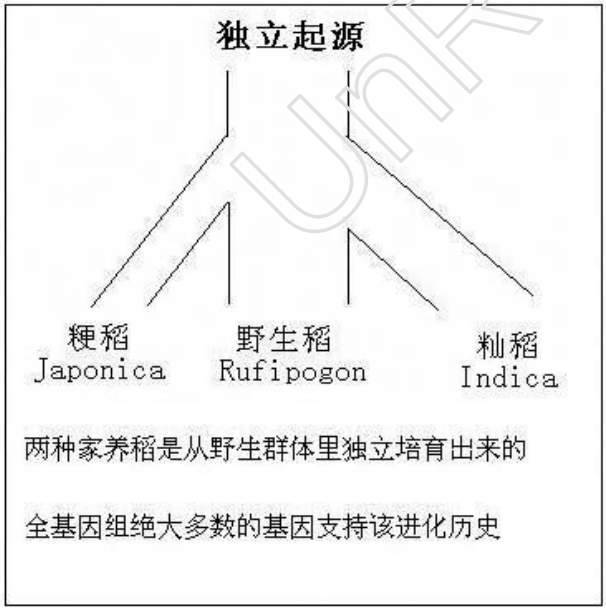
利用新一代的测序技术，基因组所及中山大学研究人员发现，水稻全基因组绝大多数基因都支持了其独立起源的历史，两种家养稻似乎都是从野生群体里独立培育出来的。然而，当研究人员分析那些受过人工选择的重要基因区段时却发现，两种家养稻的基因及其类似很多重要的农业经济性状看起来是一次起源的。

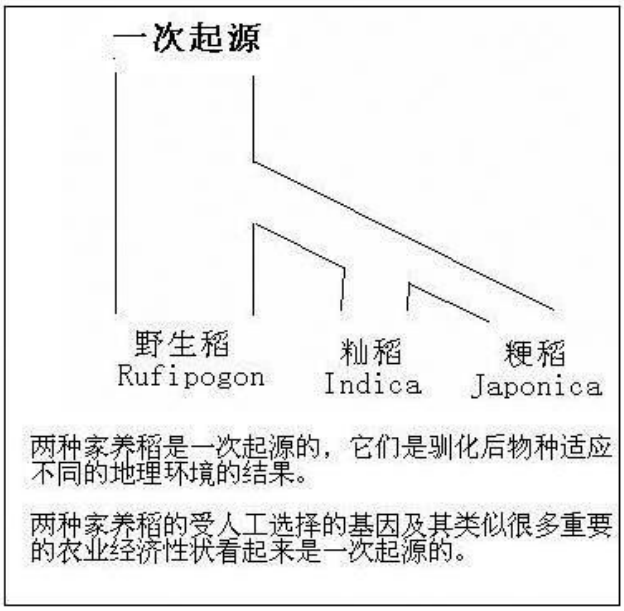
研究者认为，当一种重要的农业经济性状在一种家养稻中出现时，古代育种专家就通过杂交，把相对应的基因区段，“借鉴“或”拷贝”到另外一个物种里，从而使得另外一个品种也具备了人们所想要的表型(例如，种子不容易落粒等)。古代人们的这种相互“克隆”和“盗版”，勾画了人类重要农业经济性状基因的演化历程。该研究结果，在支持学界的两种理论的同时，也统一了上述两种假说。

纽约时报报道：http://www.nytimes.com/2011/06/14/science/14obrice.html?_r=1

科学文章链接：http://www.plosgenetics.org/article/info:doi/10.1371/journal.pgen.1002100

其他外媒报道：ScienceDaily：http://www.sciencedaily.com/releases/2011/06/110609173712.htm E Science news http://esciencenews.com/articles/2011/06/09/early.agricultural.piracy.informs.domestication.rice





UnRegistered

“混合性白血病基因组研究”获得进展 相关论文在《Blood》发表

王前飞组 和夫红

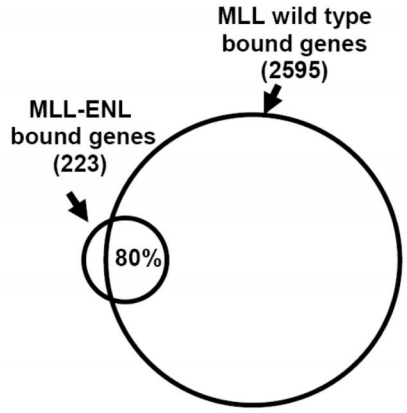
近日，中国科学院北京基因组研究所“百人计划”研究员王前飞与美国芝加哥大学血液学教授 Michael J. Thirman 合作开展的“MLL 融合蛋白在急性白血病中的致病机制研究”取得阶段性进展，其研究论文《MLL 融合蛋白在白血病基因组中选择性调控 MLL 野生型的部分靶基因》(MLL Fusion Proteins Preferentially Regulate a Subset of Wild Type MLL Target Genes in the Leukemic Genome)，于 2011 年 4 月在 BLOOD 杂志发表。该项成果的发布揭示了 MLL 融合蛋白通过选择性调控野生型 MLL 蛋白的部分靶基因而推动急性白血病发生的致病机制，为我国白血病及其肿瘤基因组研究起到了积极推动意义。

MLL 白血病是一类预后不良的血液系统恶性肿瘤，由于染色体易位形成 MLL 融合蛋白而得名。野生型 MLL (Mixed Lineage Leukemia)基因编码一种组蛋白甲基转移酶，通过催化 H3K4 甲基化而激活一系列在血细胞分化和发育过程中起关键作用的基因表达。染色体易位后形成的 MLL 融合蛋白通过募集组蛋白甲基转移酶 DOT1L 来催化 H3K79 甲基化，引起全基因组转录表达的紊乱。然而，失衡的转录组中哪些是 MLL 融合蛋白的直接靶基因和关键的致病通路，目前尚未有较系统和全面的研究。

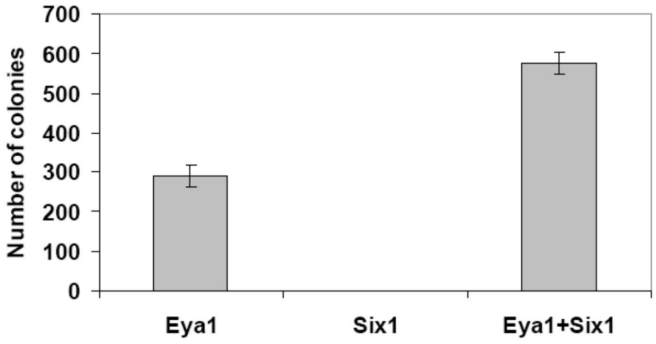
为了阐述这一重要问题，王前飞研究员及其实验室成员通过采用两套平行方案，即比较人源白血病细胞系的 MLL 结合、联合分析可诱导 MLL–ENL 小鼠模型的靶基因定位与表达谱，发现了 MLL 融合蛋白结合的靶基因是野生型 MLL 蛋白靶基因的

Unregistered

图 MLL 融合蛋白选择性调控野生型 MLL 蛋白的部分靶基因,且靶基因 EYA1 能使造血祖细胞永生化



MLL 融合蛋白选择性调控野生型 MLL 蛋白的部分靶基因



EYA1 与 SIX1 协同作用能使造血祖细胞在体外永生化

一部分(图 A)。研究还发现,在诱导 MLL–ENL 小鼠模型中,MLL 融合蛋白的结合与 H3K79 甲基化水平的改变仅局限于部分基因组区域，并由此界定了 223 个 MLL–ENL 结合的靶基因。令人吃惊的是,在诱导产生 MLL–ENL 融合蛋白后,MLL 融合蛋白结合的绝大部分靶基因没有显示出 mRNA 表达水平的显著改变;只有 12 个靶基因的 mRNA 水平显著升高,被定义为 MLL–ENL 调控靶基因。这些关键的靶基因中除了已知的 HOXA9/MEIS1,研究还发现了转录因子 EYA1、SIX1 和 SIX4 是 MLL–ENL 的直接靶点，而且 EYA 蛋白已知能与 SIX 蛋白家族成员形成异二聚体，因此提示了 EYA1/SIX1 很可能是急性白血病中 MLL 融合蛋白介导的一种新的致病通路。研究人员进一步通过造血细胞转化实验证明了 EYA1 与 SIX1 协同作用能使造血祖细胞在体外永生化(图 B)。

总之,该研究揭示了 MLL 融合蛋白通过选择性调控野生型 MLL 蛋白的部分靶基因而推动急性白血病发生的致病机制，表明了 EYA1/SIX1 很可能是急性白血病中 MLL 融合蛋白介导的一种新的致病通路，为深入开展白血病的转录调控机理研究奠定了良好基础。目前,该实验室正综合运用 ChIP–seq 和 RNA–seq 系统研究 MLL 白血病中关键的 microRNA 靶基因和相关的转录调控网络，并对 MLL 白血病病人进行全基因组重测序。期望联合实验血液学以及强大的基因组学技术平台,解读正常与白血病基因组,并由此加深对人类癌症的理论认识，为设计分子手段治疗血癌提供可能的靶点。

研究论文链接:http://bloodjournal.hematologylibrary.org/content/ear ly/2011/04/25/blood–2010–12–324699.full.pdf+html

Unregistered

DNA 末端切除：从模式生物到人类本身

2009 级研究生　周东平

基因组不稳定是癌变细胞的重要特征之一。基因组不稳定性在大多数癌细胞中表现为染色体不稳定性，即染色体结构和数目的异常。在某些情形下，同一肿瘤内的所有细胞均表现出染色体水平的异常，但这一特征并非为所有肿瘤所共有，这暗示着肿瘤可能起源于遗传失稳并最终出现染色体异常的单细胞(Nowell, 1976)。

DNA 双链断裂及其错误连接是导致染色体结构和数目改变的关键诱因，这种 DNA 损伤形式可以由细胞正常生命活动(如 DNA 复制、代谢产生 ROS 等)或由外界损伤因素(如辐射、化学试剂等)引发，未被及时修复或被错误修复的 DNA 双链断裂造成 DNA 序列的移位、插入或缺失，对细胞生活力和基因组的完整性构成严重威胁(Hoeijmakers, 2004)。因此，哺乳动物细胞在长期的进化过程中形成了两种主要的 DNA 双链断裂修复途径，即非同源末端连接和同源重组。二者的根本区别在于对同源序列的依赖和修复精确度不同：非同源末端连接不依赖同源序列，只是将两个断裂末端经过简单的处理后再连接，常产生插入或缺失突变；同源重组则以完整的姐妹染色单体为模板，保证了修复的精确性（West, 2003)。Ku70/80、DNA-PKcs、XLF、XRCC4、DNA Ligase IV 和 Artemis 组成的复合体参与非同源末端连接修复路径(Lieber, 2010)，而 Mre11/Rad50/Nbs1 组成的复合体和 Rad52 上位群基因，包括 Rad51、Rad52、Rad54、Rad59、BRCA1/2 和 Rad51 亚家族(Rad51B/C/D、XRCC2 和 XRCC3)，则参与同源重组修复路径(Filippo et al., 2008)。同源重组途径包括四个关键步骤：对 DNA 双链断裂末端进行核酸外切加工产生重组所需的底物单链 DNA、寻找同源 DNA、DNA 链配对和交换、Holliday 交叉（Holliday junction）结构的形成和分解(West, 2003; Krogh and Symington, 2004; Filippo et al., 2008)。

DNA 双链断裂末端切除加工是同源重组所要经历的第一阶段。断裂的 DNA 末端在核酸内切酶和外切酶的作用下沿 5′ →3′ 方向降解 DNA 从而产生 3′ 突出的单链 DNA 序列，该特殊结构与一些特异蛋白组成复合物，并侵入姐妹染色单体与之同源序列配对（White and Haber, 1990)。DNA 末端切除的发生具有明显的细胞周期特异性：尽管 Mre11-Rad50-Xrs2/Nbs1(MRX/MRN 复合体）与 Ku70-Ku80 (KU 复合体）能同时与 DNA 双链断裂末端结合(Lisby et al., 2004)，但在 G1 期 KU 复合体阻滞了末端切除的发生，并促进非同源末端连接途径（Clerici et al., 2008; Palmbos et al., 2008)；在 S 期或 G2 期，DNA 断裂末

UnRegistered

端通常会被加工产生 3′ 突出的单链 DNA 序列，抑制非同源末端连接，促进同源重组的进行。酵母由于其本身固有的特点，为研究 DNA 末端切除过程提供了有力的研究体系，已有若干 DNA 内切酶、DNA 外切酶、DNA 解旋酶被发现参与 DNA 末端切除过程。“双阶段模型”解释了酵母细胞内发生的 DNA 末端切除机制：首先，断裂的 DNA 末端被 MRX/MRN–Sae2 复合体捕获，并开始小规模的起始加工（切除 50–100 个核苷酸）；随后，大规模长距离的切除由两条功能冗余的通路完成，分别依赖于 Sgs1–Dna2 与 Exo1 (Mimitou and Symington, 2008; Zhu et al., 2008)。

体外生化实验表明，MRX 复合体中的 Mre11 具有单链 DNA 内切酶活性和 3′ →5′ 双链 DNA 外切酶活性而缺乏 5′ →3′ 外切酶活性（Paull and Gellert, 1998; Williams et al., 2008），后者是 DNA 末端切除所必需的。一种可能是存在 Mre11 的结合因子改变了 Mre11 外切酶作用极性，或者 Mre11 只是促进了其他末端切除因子的功能。Sae2 或者 MRX 复合体任一成员缺失均可导致芽殖酵母突变体中 DNA 双链断裂修复的 DNA 末端切除过程延迟，而且 Sae2 与 MRX 复合体处于同一上位群（Ivanov et al., 1994; Clerici et al., 2006）。有趣的是，Sae2 本身具有单链 DNA 内切酶活性（Lengsfeld et al., 2007），这暗示 Sae2 或者调节了 Mre11 的核酸酶活性，或者直接作为核酸酶参与 DNA 末端切除过程。然而，与 Mre11 不同的是，在 Sae2 中未发现明显的核酸酶结构域可以被导入突变以研究 Sae2 核酸酶活性对 DNA 末端切除的重要性。此外，在 S 期 CDK 通过磷酸化 Sae2 的方式调节了 DNA 末端切除过程，进而调节同源重组修复途径（Huertas et al., 2008）。

在 Sae2 或 Mre11 缺失的情况下，5′ →3′ 双链 DNA 特异的外切酶 Exo1 能够补偿性地引发由内切酶介导的 DNA 双链断裂末端切除过程。实际上，与相应的单突变体相比，exo1?sae2?和 exo1?mre11? 双缺失突变体表现出协同性的 DNA 末端切除欠损，对 DNA 损伤更为敏感（Nakada et al., 2004; Clerici et al., 2006），而过表达 Exo1 部分拯救了因 MRX 缺失导致的 DNA 末端切除缺陷（Lewis et al., 2002），表明 Exo1 是参与 DNA 末端切除的重要功能因子。但是，在 exo1?sae2?和 exo1?mre11?双缺失突变体中仍存在残余的末端切除，这暗示其他途径的存在。

与细菌 RecQ 解旋酶相似，Sgs1 解旋酶（RecQ 在芽殖酵母中的同源蛋白）同样参与了 DNA 末端切除过程，因为同时抑制 Sgs1 和 Exo1 完全取消了长距离的 DNA 末端切除作用（Gravel et al., 2008; Mimitou and Symington, 2008; Zhu et al., 2008）。Sgs1 解旋酶活性能够放松 DNA 双链超螺旋结构以促进外切酶的末端切除作用，而与 Sgs1 相关的核酸外切酶是 Dna2（Zhu et al., 2008）。

至此，以酵母为模式生物，研究者提出了由内切酶介导的 DNA 双链断裂末端切除的“双阶段模型”：MRX–Sae2 结合断裂的 DNA 末端，利用其内切酶活性小规模地起始末端切除形成短的单链 DNA 底物；随后，Sgs1–Dna2 和 Exo1 冗余性地沿 5′ →3′ 降解 DNA 形成长距离的 3′ 单链 DNA，介导同源重组的进行（Mimitou and Symington, 2008; Zhu et al., 2008）。与减数分裂重组不同的是，MRX 复合体在由内切酶介导的 DNA 双链断裂末端切除中并不是不可或缺的，因为有证据表明在 Rad50 或 Mre11 缺失的情况下，Sgs1–Dna2 或 Exo1 依赖的长距离末端切除速率正常，只是表现出起始的延迟（Krogh and Symington, 2004; Gravel et al., 2008; Mimitou and Symington, 2008）；通过点突变技术取消

UnRegistered

Mre11 核酸酶活性后，由内切酶介导的 DNA 双链断裂末端加工并未受到显著影响（Bae et al., 2001），而 Dna2 能够代替 DNA 双链断裂修复中 Mre11 依赖的核酸酶活性，这表明 MRX 复合体在末端切除过程中的作用可能独立于其核酸酶活性（Bae et al., 2001; Ivanov et al., 1994）。体外生化分析表明，由 Sgs1、Dna2、RPA 构成的体系足以完成双链 DNA 末端切除，而 MRX 复合体则主要通过与 Sgs1 的物理作用在结构上起到促进作用（Cejka et al., 2010）。

Sae2 在人细胞中的同源蛋白 CtIP 已经被发现。与 Sae2 类似，CtIP 在 S 期和 G2 期被招募至 DNA 双链断裂位点，促进 DNA 末端切除和单链 DNA 的形成，激活 ATR–Chk1 通路。此外，CtIP 的 C 端具有潜在的 CDK 和 ATM/ATR 磷酸化位点，暗示了磷酸化修饰可能调节其与 MRN 复合体之间的互作以共同完成 DNA 末端切除加工（Sartori et al., 2007）。与 Sae2 不同的是，CtIP 似乎并不具有核酸酶的功能（Sartori et al., 2007），其 DNA 双链断裂修复功能的实现有赖于去乙酰化修饰（Kaidi et al., 2010）。哺乳动物细胞 Sgs1 与 Exo1 同源物 BLM 和 EXO1 同样参与了 DNA 末端切除加工，有证据表明 BLM–EXO1 双敲低的细胞要比单敲低细胞对 DNA 损伤试剂更为敏感，表现为 RPA 磷酸化的降低、Chk1 激活受损和细胞生活力的下降；此外，在这些双敲低的细胞中仅有少数 DNA 双链断裂位点能与 RPA 焦斑重合，表明在人细胞中 BLM 与 EXO1 至少参与了 DNA 双链断裂后的单链 DNA 形成过程（Gravel et al., 2008）。有报道 CtIP 与 EXO1 存在互作，EXO1 依赖于 CtIP 和 MRN 复合体被招募至 DNA 双链断裂位点处，与 CtIP 一道共同抑制了非同源末端连接的发生（Eid et al, 2010），而 EXO1 依赖于 ATM 的磷酸化修饰同样在 DNA 末端切除加工过程中起到重要调节作用（Bolderson et al., 2009）。

然而，我们仍然对哺乳动物细胞 DNA 双链断裂末端切除加工的分子机制缺乏深入理解，这主要是因为：（1）不同于酵母突变体的易获得性，哺乳动物细胞相关基因（如 MRE11、RAD50、NBS1 等）的敲除在个体水平上导致了胚胎致死表型（Luo et al., 1999; Zhu et al., 2001; Buis et al., 2008），为研究相关基因的功能增加了难度；（2）哺乳动物细胞生命活动远比酵母复杂，其基因组内可能有多个酵母同源基因（如 Sgs1 的同源基因 BLM、WRN、RTS），甚至单个分子具有多种生物功能，可同时参与同一通路的早期和晚期事件。这无疑为解析哺乳动物细胞 DNA 链末端切除设置了障碍。

一些参与 DNA 双链断裂修复，特别是末端切除的基因发生缺陷将导致严重的人类病症，如类共济失调 – 毛细血管扩张症（A–TLD）、奈梅亨断裂综合症（NBS）、类 NBS 紊乱症、Bloom 综合症等，分别由 MRE11、NBS1、RAD50、BLM 突变所致（Stewart et al., 1999; Varon et al., 1998; Waltes et al., 2009; Seki et al., 2008），其致病机制仍有待深入探讨。研究 DNA 双链断裂末端切除相关因子的生物学功能，对于我们阐明同源重组修复机制与相关疾病的发生机理具有重要的指导意义，研究成果可能将为疾病治疗提供新的靶位点和治疗途径。诚然，从基础科学研究到实际临床应用从来不是一蹴而就的，但我们仍然矢志不移，为发现自然世界的真谛而努力着。

Bae S.H., Bae K.H. et al. PRA governs endonuclease switching during processing of Okazaki fragments in eukaryotes. Nature 412, 456–461 (2001).

Buis J., Wu Y. et al. Mre11 nuclease activity

UnRegistered

has essential roles in DNA repair and genomic stability distinct from ATM activation. Cell 135, 85–96 (2008).

Bolderson E., Tomimatsu N. et al. Phosphorylation of Exo1 modulates homologous recombination repair of DNA double–strand breaks. Nucleic Acid Res. 38, 1821–1831 (2009).

Cejka P., Cannavo E. et al. DNA end resection by Dna2–Sgs1–RPA and its stimulation by Top3–Rmi1 and Mre11–Rad50–Xrs2. Nature 467, 112–116 (2010).

Clerici M., Mantiero D. et al. The Saccharomyces cerevisiae Sae2 protein negatively regulates DNA damage checkpoint sinaling. EMBO Rep. 7, 212–218 (2006).

Clerici M., Mantiero D. et al. The Yku70–Yku80 complex contributes to regulate double–strand break processing and checkpoint activation during the cell cycle. EMBO Rep. 9, 810–818 (2008).

Eid W., Steger M. et al. DNA end resection by CtIP and exonuclease I prevents genomic instability. EMBO Rep. 11, 962–968 (2010).

Filippo J.S., Sung P. and Klein H. Mechanism of eukaryotic homologous recombination. Annu. Rev. Biochem. 77, 229–257 (2008).

Gravel S., Chapman J.R. et al. DNA helicases Sgs1 and BLM promote DNA double–strand break resection. Genes Dev. 22, 2767–2772 (2008).

Hoeijmakers J.H.J. Genome maintenance mechanisms for preventing cancer.Nature 411, 366–374 (2004).

Huertas P., Cortes–Ledesma F. et al. CDK targets Sae2 to control DNA–end resection and homologous recombination. Nature 455, 689–692 (2008).

Inanov E.L., Sugawara N. et al. Mutations in XRS2 and RAD50 delay but do not prevent mating–type switching in Saccharomyces cerevisiae. Mol. Cell Biol. 14, 3414–3425 (1994).

Kaidi A., Weinert B.T. et al. Human SIRT6 promotes DNA end resection through CtIPdeacetylation. Science 329, 1348–1353 (2010).

Krogh B.O and Symington L.S. Recombination proteins in yeast.Annu. Rev. Genet. 38, 233–271 (2004).

Lengsfeld B.M., Rattray A.J. et al. Sae2 is an endonuclease that processes hairpin DNA cooperatively with the Mre11/Rad50/Xrs2 complex. Mol. Cell 28, 638–651 (2007).

Lewis L.K., Karthikeyan G. et al. Differential suppression of DNA repair deficiencies of yeast rad50, mre11 and xrs2 mutants by EXO1 and TLC1. Genetics 160, 49–62 (2002).

Lieber M.R. The mechanism of double–strand DNA break repair by the nonhomologous DNA end–joining pathway.Annu. Rev. Biochem. 79, 1.1–1.31 (2010).

Lisby M., Barlow J.H. et al. Choreography of the DNA damage response: spatioteporal relationships among checkpoint and repair proteins. Cell 118, 699–713 (2004).

Luo G., Yao M.S. et al. Disruption of mRad50 causes embryonic stem cell lethality,

UnRegistered

abnormal embryonic development, and sensitivity to ionizing radiation. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 96, 7376–7381 (1999).

Mimitou E.P. and Symington L.S. Sae2, Exo1 and Sgs1 collaborate in DNA double-strand break processing. Nature 455, 770–774 (2008).

Nakada D., Hirano Y. and Sugimoto K. Requirement of the Mre11 complex and exonuclease 1 for activation of the Mec1 signaling pathway..Mol. Cell Biol. 24, 10016–10025 (2004).

Nowell P.C. The clonal evolution of tumor cell populations.Science 194, 23–28 (1976).

Palmbos P.L. Wu D. et al. Recruitment of Saccharomyces cerevisiae Dnl4–Lif1 complex to a double-strand break requires interaction with Yku80 and the Xrs2 FHA domain. Genetics 180, 1809–1819 (2008).

Paull T.T. and Gellet M. The 3′ to 5′ exonuclease activity of Mre11 facilitates repair of DNA double-strand breaks. Mol. Cell 1, 969–979 (1998).

Pierce A.J., Hu P. et al. Ku DNA end-binding protein modulates homologous repair of double-strand breaks in mammalian cells. Genes Dev. 15, 3237–3242 (2001).

Pierce A.J., Johnson R.D. et al. XRCC3 promotes homology-directed repair of DNA damage in mammalian cells. Genes Dev. 13, 2633–2638 (1999).

Sartori A.A., Lukas C. et al. Human CtIP promotes DNA end resection. Nature 450, 509–514 (2007).

Seki M., Otsuki M. et al. RecQ family helicases in genome stability: Lessons from gene disruption studies in DT40 cells. Cell Cycle 7,2472–2478 (2008).

Stewart G.S. et al. The DNA double-strand break repair gene Hmre11 is mutated in individuals with an ataxia-telangiectasis-like disorder. Cell 99, 577–587 (1999).

Varon R. et al. Nibrin, a novel DNA double-strand break repair protein, is mutated in Nijmegen breakage syndrome. Cell 93, 467–476 (1998).

Waltes R. et al. Human RAD50 deficiency in a Nijmegen breakage syndrome-like disorder. Am. J. Hum. Genet 84, 605–616 (2009).

West S.C. Molecular views of recombination proteins and their control. Nat. Rev. Mol. Cell Biol. 4, 435–445 (2003).

White C.I. and Haber J.E. Intermediates of recombination during mating type switching in Saccharomyces cerevisiae. EMBO J. 9, 663–673 (1990).

Williams R.S., Moncalian G. et al. Mre11 dimers coordinate DNA end bridging and nuclease processing in double-strand break repair. Cell 135, 97–109 (2008).

Zhu J., Petersen S. et al. Targeted disruption of the Nijmegen breakage syndrome gene NBS1 leads to early embryonic lethality in mice. Curr.Biol. 11, 105–109 (2001).

Zhu Z., Chung W.H. et al. Sgs1 helicase and two nucleases Dna2 and Exo1 resect DNA double-strand break ends. Cell 134, 981–994 (2008).

UnRegistered

基因组所与挪威奥斯陆大学成立“基因组结构和稳定性联合实验室”

杨运桂研究组

6 月 6 日，中科院北京基因组研究所 –– 挪威奥斯陆大学(BIG CAS–OSLO)“基因组结构和稳定性联合实验室”挂牌仪式在北京基因组研究所隆重举行。基因组所吴仲义所长出席大会并讲话，他指出：该联合实验室的成立，为北京基因组研究所和挪威奥斯陆大学的合作开辟了广阔的前景，并为该领域在国际人才往来、科研项目合作和研究生联合培养等方面提供了契机。基因组所副所长李俊雄，所长助理王彩平，科技处处长严江伟以及“百人计划”研究员重大疾病基因组与个体化医疗实验室主任曾长青、研究员杨运桂、研究员郭彩霞与挪威奥斯陆大学 Arne Klungland 教授等一行共同出席。

在挂牌仪式上，联合实验室中方主任杨运桂研究员及外方主任 Arne Klungland 教授，共同回顾了双方在基因组结构与稳定性研究方面的良好合作。现任职于奥斯陆大学分子生物学与神经科学研究中心的 Arne Klungland 教授于 2011 年被基因组所聘为外籍专家特聘研究员，一直以来致力于基因组稳定性机制的研究。早年他曾与杨运桂在英国 Cancer Research UK 进行博士后研究，并在 ALKB 家族蛋白研究领域有着共同的研究兴趣，因此双方自 2010 年开始了在 ALKB 加双氧酶领域的研究合作。Klungland 教授的实验室以转基因实验动物构建与分析见长，而作为我院“百人计划”引进回国的杨运桂研究员及其实验室则在细胞生物学领域有着明显的研究优势，此次双方联合实验室的建立必将极大程度地促进该领域的研究推进。双方成员均表示：将以此为立足点，结合各自科研优势，共同在重大疾病基因组结构与稳定性研究领域开展合作。

随后在曾长青研究员的主持下，Arne Klungland 教授，杨运桂研究员分别做了学术报告，介绍了近年来在人类 ALKB 家族蛋白领域的研究进展，通过构建与分析基因敲除动物模型与表性分析，研究各种同源基因的生物学功能以及在细胞生物学领域取得的研究进展，并提示 ALKB 家族蛋白很有可能在 RNA 表观遗传学领域发挥重要的作用。正在基因组所开展学术研究的丹麦青年科学家，中科院外籍优秀青年科学家 Jannie Michaela Rendtlew Danielsen 博士也参加了挂牌仪式，她对基因组所 –– 挪威奥斯陆大学基因组结构和稳定性联合实验室的成立表示祝贺并作了专题学术报告。

Unregistered

英国医学研究理事会代表团访问基因组所

科技处 严江伟

6月13日上午，英国医学研究理事会功能基因组学研究所(MRC FGU)副所长 Chris Ponting 教授，项目组组长 Jilong Liu 教授等一行四人到中科院北京基因组研究所进行访问交流。基因组所所长吴仲义，科技处处长严江伟，重大疾病基因组与个体化医疗实验室主任“百人计划”研究员曾长青，研究员杨运桂等共同接待了来宾，双方进行了座谈及学术报告交流。

会上，吴仲义所长首先代表基因组所向来宾的到来表示欢迎，然后介绍了基因组所的整体情况，英国医学研究理事会功能基因组学研究所(MRC FGU)副所长 Chris Ponting 教授也详细介绍了英国医学研究理事会功能基因组学研究所的基本情况及研究重点。随后基因组所重大疾病基因组与个体化医疗实验室主任曾长青研究员、英国医学研究理事会功能基因组学研究所项目组组长 Jilong Liu 教授、基因组所杨运桂研究员分别做了学术报告，宾主双方就未来科研合作、研究生联合培养及短期访问学者等方面的可能性进行了深入的交流和探讨。会后，双方均表示：希望通过交流与沟通，加强基因组所与英国医学研究理事会功能基因组学研究所相关领域的科研合作，促进研究生的联合培养及人才引进。

英国医学研究理事会(MRC)是一个由英国公共资金建立的国家级机构。其宗旨是资助为改善人们健康状况而开展的医学研究。它资助的科学研究以及培养的科学家将满足医疗卫生服务、制药及其它医疗卫生相关企业和学术研究的需求。英国医学研究理事会所资助的研究工作在英国获得了许多非常重要的科学发现和医药成就。其每年将近 5 亿英镑开支的一半是提供给下属的 40 家研究所、研究室和各个研究中心，而另一半则是用于对大学和医学院校研究团队的资助和个人的培训奖学金。

UnRegistered

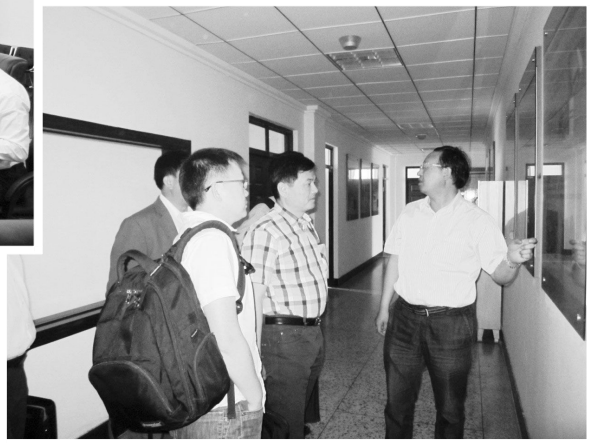
李俊雄副所长率队到长春分院调研座谈

科技处　严江伟

为加速推进基因组所院地合作工作的开展，5月25日至26日，我所副所长李俊雄，科技处处长严江伟，副研究员王绪敏、栗世铀等一行4人到长春分院调研，并就长东北科技创新中心平台建设进行协商。调研组一行抵达长春后，即在长春分院科技处侯鹏副处长和长东北核心区管理委员会王强博士的陪同下前往长春高新区长东北核心区规划建设展览馆参观。参观结束后，调研组到达长春分院，分院王利祥院长、李冰副院长、科技处严晓红处长、侯鹏副处长及相关工作人员接待了调研组一行。

会上，王利祥首先对基因组所调研团的到来表示欢迎，并简单介绍了长春分院基本情况及东北区域创新集群和长东北科技创新中心规划建设情况。随后，李俊雄介绍了基因组所基本情况、院地合作思路及拟在不同发展阶段重点推动的产业化项目；王绪敏介绍了人参基因组项目的进展和下一步产业发展思路；栗世铀就所内目前工业化药物筛选平台硬件设施、研发能力等做了详细的介绍。王利祥表示，院地合作工作要以地方、企业实际需求为基础，建议基因组所在深入调研的基础上，尽快形成具体合作方案，长春分院会积极支持和配合。

在随后一天的时间里，调研组一行分别到长春光机所、吉林修正药业集团股份有限公司和吉林紫鑫药业股份有限公司等单位进行了实地参观调研，并就双方今后的合作开展了富有成效的洽谈。



Unregistered

基因组所杨卫平书记荣获“中国科学院优秀党务工作者”称号

所党办 张 欣

6月24日，中国科学院在京隆重举行庆祝中国共产党成立90周年暨创先争优活动表彰大会。中科院党组书记、院长白春礼出席会议并发表讲话，中科院党组副书记、中科院党建领导小组组长方新宣读了《关于表彰中国科学院先进基层党组织、优秀共产党员和优秀党务工作者的决定》。基因组所党委书记杨卫平同志荣获“中国科学院优秀党务工作者”光荣称号。

杨卫平同志在基因组所认真履行党委书记职责，领导党委全面抓好党的建设，创新方式方法，开展了一系列务实有效的工作：加强党政协调配合，推动建设团结的、学习型的领导班子；夯实组织基础，打造有战斗力的党员队伍；开展贴心的主题活动，培育有特色的创新文化，策划了“传承者”读书会、“读万卷书，行万里路”研究生暑期实践等品牌活动；密切联系群众，积极为群众办实事、办好事；注重理论研究，多次发表文章并获奖。他在工作中求真务实、善于创新，开创了研究所党建工作的新局面，体现了优秀的组织管理与领导能力、良好的人格魅力和亲和力，得到广大党员和群众的普遍好评。

Unregistered

关于表彰基因组所先进党支部、优秀共产党员和优秀党务工作者的决定

在庆祝中国共产党成立 90 周年之际，为激励先进，促进工作，基因组所党委组织开展了先进党支部、优秀共产党员和优秀党务工作者评选活动。经支部推荐、党员大会评选、党委会审定，决定授予科研第三党支部“先进党支部”荣誉称号；授予潘立颖等 10 名同志“优秀共产党员”荣誉称号；授予杨卫平等 5 名同志“优秀党务工作者”荣誉称号。

希望受表彰的先进支部和个人珍惜荣誉，戒骄戒躁，创新跨越，再创佳绩。同时，党委号召全所各党支部和广大共产党员向受表彰的先进支部和个人学习，深入创先争优，更好地发挥党支部的战斗堡垒作用和共产党员的先锋模范作用，立足本职，争创一流，为实现研究所“十二五规划”和“创新 2020”的发展目标做出新的更大的贡献！

所党委

2011 年 7 月

基因组所先进党支部、优秀共产党员、优秀党务工作者名单

先进党支部(1 个)：科研第三党支部

优秀共产党员(10名)

支部	姓名	部门	职务/职称
行政支部	潘立颖	综合办公室	副主任
	郑　丽	综合办公室	六级职员
平台支部	李茹姣	平台-信息部	高级工程师
科研一支部	孟庆姝	于军组	助理研究员
	吴佳妍	于军组	副研究员
科研二支部	胡松年	胡松年组	研究员
科研三支部	牛亚梅	杨运桂组	副研究员
科研四支部	潘玉云	雷红星组	学生
科研五支部	王　杨	刘斯奇组	学生
	童　维	刘斯奇组	学生

优秀党务工作者(5 名)

姓名	部门	党群职务
杨卫平	所领导	党委书记
李俊雄	所领导	纪委书记
张　欣	党委办公室	党委委员、党务主管
肖景发	于军组	党委委员、工会主席
徐　磊	综合办公室	支部委员、工会副主席、团委书记

Not Registered

我所小合唱《四渡赤水出奇兵》荣获中科院京区建党90周年红歌演唱会三等奖

所工会 徐 磊

为庆祝中国共产党建党90周年，抒发中科院科技人员对党的无限热爱。6月25日，中国科学院京区“颂歌献给党，创新更辉煌”纪念建党90周年主题红歌演唱会在北京海淀剧院隆重举办。中科院党组副书记方新、副秘书长潘教峰及党建工作领导小组成员，中央国家机关工委统战(群工)部副部长曹博慧等出席红歌会。中科院党组成员、京区党委书记何岩出席红歌会并致辞，京区党委常务副书记、北京分院党组常务副书记马扬主持了开幕式。我所50人表演的小合唱《四渡赤水出奇兵》获得红歌演唱会三等奖。

在所党委和所工会的大力支持与积极组织下，经过一个多月的集中排练，我所合唱团成员克服了训练时间少、场地不集中、人员非专业等重重困难，精心排练了红色经典史诗长征组歌中《四渡赤水出奇兵》红歌唱段，并在5月中科院北京分院协作一片红歌会上脱颖而出，最终赢得代表协作片参加“中科院建党90周年红歌演唱会”的机会。6月25日活动当天，基因组所合唱团以饱满的精神状态，整齐嘹亮的歌声，获得了现场观众们热烈的欢呼与掌声，大家以自己的实际行动为党献礼！

Unregistered

催熟香蕉，请不要赋予恐怖光环

科普小组 谢 彬(雷红星研究组)

Unregistered

不知道有多少人最近狂吃香蕉，是不是发现便宜了很多呢？至少笔者是吃得很畅快，难得可以吃到便宜的水果了。这么大幅的降价，究其原因，来自于 4 月 19 号某媒体的一则报道，在这期名为《打药催熟香蕉 卖水果也有潜规则》的报道里，栏目记者深入探访“造假窝点”，大谈商贩使用乙烯利催熟香蕉，并造成了多人出现“恶心、呕吐”等“严重”健康问题。随后的跟风报道直接导致了香蕉烂在了地里，广大人民群众无人敢吃。

不可否认的是，近几年国家的重视，直接曝光了相当多的食品安全问题，从苏丹红到三聚氰胺，从瘦肉精到染色馒头，一件件都让人寒心。但是，媒体铺天盖地的报道，却也让人们渐渐失去了耐心与理智，专家被拍成砖家，不少食品被错杀冤死，比如本文将提到的催熟香蕉的问题。

那么香蕉为什么要催熟呢？水果分为两类，一种在采收时就可食用，比如苹果、梨、橘子等，另一类在采收后需要经过催熟才能食用，就比如香蕉。一方面是因为远在海南的香蕉不得不面对长途运输的问题，另一方面是由其本身的生物特征决定的。

果实在成熟的过程中，有些品种的呼吸速率最初较低，至成熟默契突然升高而后下降，这种现象称作果实的呼吸跃变，而这也恰恰是果实由成熟到可食的标志。比如香蕉，在成熟的过程中就会出现明显的呼吸高峰，因而也被称为跃变型果实。而草莓、柑橘、葡萄等则没有明显的呼吸跃变，也因此被称作非跃变型果实。据研究表明，这种差异的关键恰恰与果实内的乙烯含量，酶活性和贮藏物质有关。

跃变型果实本身在成熟过程中有大量的乙烯合成，作为植物内在分泌的一种激素，有相当多的证据表明其与果实的成熟有着密切的联系。比如，果实中乙烯含量的增加和呼吸速率上升的时间进程一致，用外源乙烯处理可以诱导和加速果实成熟，减压抽气法去除果实中的乙烯则推迟成熟；乙烯生物合成的抑制剂和拮抗剂可抑制成熟；乙烯对于非跃变型果实也有促进成熟的作用。

拿香蕉为例，伴随着体内乙烯的释放，其成熟过程发生了一系列的生理生化变化。

首先是甜味增加。青香蕉中贮存着许多淀粉，所以无甜味，呼吸跃变的出现使这些不溶性淀粉转化为可溶性的葡萄糖、果糖、蔗糖等，并积累在细胞液泡中。在这成熟过程中淀粉由占鲜重 20%–25%降低到 1%，而可溶性糖则升至 15%–20%，自然情况下这一转变大约需要十天。

其次是酸味减少。未成熟的香蕉中含有大量有机酸，伴随着成熟的过程，一部分转化为了糖，另一部分则呼吸氧化为了 CO_2 和 H_2O，还有些被 K+，Ca2+ 等离子中和。

然后是涩味的消失。成熟过程中，细胞液泡中的单宁被过氧化物酶氧化为过氧化物或者不溶性的物质，从而涩味消失。

最后是香味。成熟的香蕉闻起来都香，包括其他水果，还有陈年老酒的香味等等，都是因为酯类物质的产生

当然，纤维素酶等的作用，也将细胞壁上的纤维素和果胶裂解，使得果实松软可口。

那么也就是说用乙烯法催熟香蕉，只不过是利用植物自身的激素来控制成熟的过程，以方便水果的运输与销售，并没有加入什么高危害的化学物质。更何况乙烯是气体，就算有所残留，只要敞口放置，或者烹饪，自然就会消散了。

那么有人就提到了，商家使用的是乙烯利啊，并不是乙烯，怎么会一样呢？我们先来看下乙烯利为何物。

乙烯利又称 2– 氯乙基膦酸，分子式为 $C_2H_6ClO_3P$，易溶于水和酒精，在 pH<3 酸性条件下稳定，在 pH>3 及碱性条件下易裂解放出乙烯。根据乙烯利的化学性质可以看出，在日常生活中，化学性质极不稳定，很难对人体造成直接的伤害。所以只要合理的使用乙烯利，在稀释 400 倍的条件下催熟香蕉，不仅可以得到美观可口的香蕉，而且也不会对人体有毒性和损害。

当然也有人提到，就算使用乙烯利催熟香蕉是安全的，但是乙烯作为一种植物激素，过多的食用不会对健康造成危害吗？不会导致性早熟什么问题吗？更有甚者，几年前还有一篇关于“女童贪食催熟草莓导致性早熟”的新闻。

其实，植物激素和动物激素完全没有任何关系。我们平常说的导致性早熟的激素大多是动物的性激素，一般都是类固醇结构，这与植物激素，无论是化学结构还是生物体内作用目标和形式都是截然不同的。植物激素大多都是小分子化学物质，在细胞中仅起到信号传导作用，并不直接构成细胞。如果说植物激素能够对动物生长有促进作用，那是不是避孕药同样也能让植物无法结实呢？所以说，面对媒体的宣传，我们需要有自己的主见，不能一味的相信专家，更不能认为所有的都是砖家。另外，趁着最近香蕉便宜，大家可以多吃点，甚至贮存点，当然要记得敞口哦，因为密闭后，香蕉自身分泌的乙烯会加速成熟的。

Unregistered

走进 RNA 世界

2008 级研究生　黄春敏

近年来，核糖核酸的研究已经成为分子生物学领域一个非常热门的研究方向。因为科学家发现，核糖核酸在细胞的生命中起着越来越重要的作用，聪明的人类对遗传基因的研究已经进行了上百年，一直以来，他们的目光无不专注于脱氧核糖核酸(DNA)的研究领域。然而上世纪 90 年代以来，以往并不受重视的 RNA，终于开始展现自身的价值。在生命科学的舞台中 RNA 已经逐步摆脱了 DNA 光芒的掩盖，从“配角”变成“主角”，对 DNA 的中心地位提出了新的挑战。

一、关于“RNA 世界”的假说

长期以来科学家们从事生命科学领域的研究，寻找生命核心的遗传材料。人们最终发现从细菌到最高级的生物——人类，其生长所需的全部命令和信息都储藏在 DNA 这个密码库里，脱氧核糖核酸理所当然地成为了生命科学领域的明星；而核糖核酸 RNA 好像“灰姑娘”一样一直遭受冷落。RNA 被认为是“信使”和蛋白质合成的“模板”，不断忙碌着，按照 DNA 的命令，把氨基酸合成蛋白质，构造生命的基础。RNA 的作用长期以来似乎被人们小看了，它不光是遗传的“信使”，在某种程度上也扮演“纠错者”和“控制者”的角色，DNA 携带的遗传信息经由 RNA 才得以表达。

1986 年美国学者吉尔博特提出 “RNA 世界”的假说，认为生命起源时最早出现的是 RNA。专家介绍，在生命发育的最初期，蛋白质根据 DNA 储存的遗传信息合成，同时 DNA 的合成需要蛋白质作为酶来催化复制，两者不能相互脱离。那么最先出现的是蛋白质还是 DNA？这就好像鸡与蛋之间的关系。吉尔博特指出，RNA 既能像 DNA 一样携带遗传信息，又能像蛋白质一样起催化功能，就是说 RNA 兼有 DNA 和蛋白质的功能——能够自我复制，又能遗传信息，所以科学家们推测在生命起源早期，首先出现的是 RNA。

二、RNA 种类不断壮大

在高中课本中，我们就已经了解到 RNA 参与蛋白质生物合成过程的主要有三类：核蛋白体核糖核酸(rRNA)，转运核糖核酸(tRNA)，信使核糖核酸(mRNA)。核蛋白体核糖核酸(rRNA)是核糖体的组成成分，它参与蛋白质的合成过程，其分子为螺旋结构，与多种蛋白质分子共同构成核蛋白体的大、小两个亚基，如同两个大小不一的皮球。两个大小亚基的结合就是蛋白质合成的开始，蛋白质合成一旦终止，它就分离为独立的两个大、小亚基。转运核糖核酸(tRNA)的作用在于转运某一特定的氨基酸分子到信使核糖核酸分子上，它基本是单链，但常自交成双股螺旋。信使核糖核酸的作用是从 DNA 分子上转录出遗传信息，经细胞核孔带到核外的核蛋白体上，作为合成蛋白质的直接模板，起到信使的作用。

近年来，随着科学研究的深入，越来越多的 RNA 被发现。核内小 RNA，是含有 100 到 300 碱

Unregistered

基的 RNA。它参与真核生物细胞核中 RNA 的加工。他和许多蛋白质结合在一起成为小核核糖核蛋白 snRNP。参与信使 RNA 前体(pre-mRNA)的剪接,使后者成为成熟 mRNA。小核仁 RNA,他也是一类小型 RNA 分子,可引导核糖体 RNA(rRNA)或其他 RNA 的化学修饰(如甲基化)作用。根据 MeSH 的分类,此分子属于小核 RNA 的一种。可分为 C/D box 与 H/ACA box 两种。微 RNA,是一种长约 21 到 23 个核苷酸的 RNA 分子,可调节其他基因的表达。他来自一些从 DNA 转录而来,但无法进一步转译成蛋白质的 RNA(属于非编码 RNA)。小干扰 RNA,他是一个长 20 到 25 个核苷酸的双股 RNA,此结构是利用一种称为 dicer 的酶处理而得,这种酶可以将较长的双股 RNA 或小发夹 RNA 切成 siRNA。此外,siRNA 也可经由多种不同转染技术导入细胞内,并对特定基因产生具专一性的敲弱效果。因此可利用经过适当剪裁的 siRNA 之互补性,来对已知序列的基因进行标定,这种现象使 siRNA 成为研究基因功能与药物目标的一项重要工具。 piRNA 全名 Pi-wi-interacting RNA,是一类小型 RNA 分子,长度大约是 29 到 30 个核苷酸。只表现在哺乳动物的睾丸中,并且可以和 Piwi 蛋白结合形成 piRNA 复合物。与 RNA 沉默(RNA silencing)作用有关。向导 RNA,英文名叫 sgRNA。是作用于动质体体内一种称为 RNA 编辑(RNA editing)的后转录修饰过程中。也是一种小型非编码 RNA。可与 pre-mRNA 配对,并在其中插入一些尿嘧啶,产生具有作用的 mRNA。小发夹 RNA,是一种形成急转弯(hairpin turn)结构的 RNA 序列,可以经由 RNA 干扰使基因表现沉默化。他可利用载体导入细胞当中,并借由 U6 启动子来确保 shRNA 的表现。另外,shRNA 可经由切割转变成为 siRNA。

RNA 的种类随着研究的深入,将不断地壮大,这也充分显示了人类科研力量的伟大……

三、RNA 给人类的启示

这种普遍存在于动物、植物、微生物及某些病毒和噬菌体内,与蛋白质生物合成有密切关系的大分子随着研究的深入,正在逐步被人类了解和应用。

在对核糖核酸的不断深入研究中,科学家们发现,某些小 RNA 分子能够通过引导基因打开或者关闭来决定细胞的命运。北京大学生物化学及分子生物学系原系主任朱圣庚教授指出,各种疾病总是和某些基因的活动有关,我们了解了 RNA 对基因表达的调节、控制,就可以通过它干扰、影响这些基因的活动,从而达到对疾病预防和治疗的目的。

此外,利用 RNA 分子靶向治疗肿瘤的肿瘤靶向疗法通过附着在活体肿瘤 RNA 上的适配分子,直接将药物传送至肿瘤所在的位置,以达到治疗的效果。这为肿瘤的治疗带来了新的希望。细菌入侵 RNA 防御机制的基本构成和机制的详细阐述也为新一类靶向抗生素、微生物基因功能研究工具和更加稳定的细菌培养系统等的开发提供了一个新的视角……

四、尾声

徜徉在 RNA 的世界里,我不得不承认 RNA 的世界是多么的广阔和浩瀚,就像大海般无边无际,太多的未知需要人类去探索,去挖掘,去聆听。

我不禁联想到电影《非诚勿扰二》中的那首小诗,你见,或者不见我,我就在那里,不悲不喜,你念,或者不念我,情就在那里,不来不去,你爱,或者不爱我,爱就在那里,不增不减,你跟,或者不跟我,我的手就在你手里,不舍不弃,来我的怀里,或者,让我住进你的心里,默然,相爱,寂静,欢喜……

对于 RNA,你研究,或者不研究,我就在那里,期待你的挖掘,等待你的光临,盼望你的聆听……

集中村——温总理眼中的“社会主义新农村”

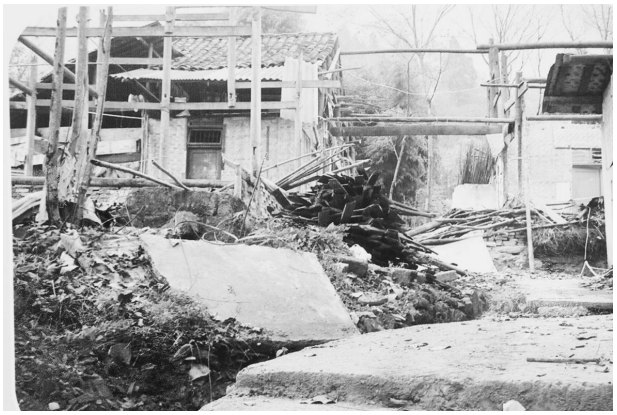
——四川省阿坝州汶川县漩口镇集中村的幸福实录

基因组所 徐 磊

打开电脑，随着一连串清脆的键盘敲击声，我在内容栏里输入了“漩口镇集中村”六个大字，这个在 Google 上有着 20200 项搜索结果的村庄，因汶川“5.12”大地震后第一个做出快速反应进行生产自救，第一个重新建起漂亮的川西民居而著称。2009 年大年三十的下午，温家宝总理亲自到该村视察、了解灾后重建情况，当看到规划有序、井井有条的村庄、崭新的道路以及村民们新建起一幢幢新房时，温总理激动的说：“这就是我们社会主义的新农村”。随着时间的推移，两年多的时间过去了，这个被温总理称为：社会主义新农村的地方，人们生活到底如何呢？他们是否过上了安居乐业的幸福生活呢？带着这样与那样的疑问，2011 年 5 月，应中央国家机关团工委的组织与号召，我有幸与国家国防科工局、国务院扶贫办、交通运输部、文化部、国家信访局、中国气象局等 7 位同志一道进驻总理眼中的新农村——集中村，与村民同吃、同住、同劳动，开始了我们对于国家三农政策、新农村建设以及对震后恢复重建、未来发展和村民幸福话题的访谈与调研，这段非同寻常的人生经历，开启了我们一段意义非凡的心灵旅程。

说到农村，其实对于我们很多生活在大城市的“80 后”来说是非常陌生的，只是通过电视、广播以及三农问题、春运、农民工等媒体的报道，才对农村以及农民有个不算清晰的认识。甚至很长一段时间内，在有些人心中，农村与农民好像就是社会底层以及艰辛一族的代名词。其实，这是源于我们很少有人真的去关心和关注他们，认真去思考造成这种问题的原因。而通过在集中村调研生活的这段时间，我们每位调研团成员都感同深受、得到启迪。那些纯朴的农民跟我们一样，同样热爱生活、拥有理想、敢于拼搏，甚至具备了很多我们城里人所不具备的吃苦精神，有着自己非常快乐的幸福生活。下面我就此次“百村调研”第五团第三组在集中村的所见、所闻、所感记录如下：

UnRegistered



初识集中村

5 月 22 日从北京到达汶川的第一天，在这座从废墟上重建起来，经历了惨痛经历并获得新生的漩口镇中学礼堂内，我们首次见到了前来迎接我们入村的集中村村党支部张腾明书记，后来我们得知，张书记在村里一干就是 20 多年，从 17 岁开始担任生产队队长，到后来当了 18 年的村长和 2 届村支书，现如今 58 岁的他可以说是村里的“重量级”人物和见证人，他领导和带领全村走过了从土地公有制到家庭联产承包制再到改革开放以经济建设为中心的近 30 年乡村发展道路。

在进村的路上他向我们介绍起集中村的历史变迁、整体情况以及地震时所发生的一幕幕扣人心弦的故事。据他讲：集中村位于汶川县漩口镇的东南部，寿溪河左岸，离“5.12”大地震震中只有 10 公里，离汶川县城 70 公里，国道 213 线贯穿全村。村内共有 5 个村民小组，261 家农户及 734 名村民，属多民族居住区，其中汉族 465 人，藏族 243 人，羌族及其他少数民族 26 人。大地震前全村共有耕地 465 亩，人均还不到一亩，2007 年人均纯收入只有 3038.7 元，属于贫困村庄。由于地处群山地带，村内耕地较少，进入改革开放以来，越来越多世世代代以耕地为生的农民只好外出打工。

2008 年“5.12”大地震的突然袭来，让这个贫困的小村庄遭受沉重打击，农民收入骤减到了 1499 元。地震同时造成该村全部农房倒塌和严重次生灾害，4 名村民在地震中遇难。地震还造成灭失耕地 124.5 亩，损失猕猴桃 150 亩，造成重大损失养殖户 33 户，死亡饲养家猪 200 余头，全村损失金额达 20 万元。听着这些数字，我们感到这样的贫困乡村，面对这么残酷地震袭击，对他们的打击一定是毁灭性的。大地震会使那里人们的生活态度发生怎样的改变？是绝望还是无奈？想到这里车厢内顿时变得安静起来，每个人心头不免有些凝重。

汽车沿着蜿蜒的都汶高速继续向前行驶，刚过寿疆大桥，映入眼前的一块极具北京郊区旅游特色的牌匾忽然映入我们眼帘——“集中村农家乐”。我们不敢相信自己的眼睛，再仔细看去，没错，是“集中村”三个大字！顺着路牌的指示方向往前，一条崭新的柏油路展现眼前，而路旁两侧则依稀出现一排排依山势而建起的二层小楼，仔细望去，小楼全部是朱红木格图案窗户和白色墙面装饰的川西风格民居建筑。难道这真的是我们此行的目的地“集中村”，车厢内早已发出阵阵惊叹的声音。村党支部张书记此时正骄傲的招呼我们下车。

此时我们的思绪早已被这种内心与视觉的反差以及秀美的村庄所冲击和震撼。站在村口向四周眺望，集中村被翠绿的青山环抱，从山下到山顶绿色逐渐变得浅淡而模糊起来，山间充满着湿润的雾气，山顶羞涩的被青丝幔帐般的烟云所笼罩，时而若隐、时而若现！在我看来，这里不像是“农村”，而俨然就是一幅未曾谋面的中国式长卷水墨山水画卷。在山的间隙我们隐约可以看到蜿蜒、盘山的公路连绵不绝。

据接我“回家”的农户赖大哥讲：“自从大地震过后，在党中央的帮助下，在广东省中山市政府的援助下，村里的道路很快得到重建，全县目前已经

UnRegistered

建成了村村通公路的道路交通网。”当我问他难道比震前还要好吗，他憨笑着对我说：“那当然好多喽，原来集中村全部都是坑洼不平的泥巴路，一下起雨来路上就泥泞不堪，满是污泥。现在可好喽，笔直宽阔的道路即平坦又干净，基本修到了每户村民的家门外，你说幸福不幸福嘛。”

是啊，看着眼前赖大哥的新房——我的新“家”以及门前平坦的道路，再看他那幸福的表情，我大概体会到了当年温总理视察时的那份心情。

集中力量办大事 重建加速村民改建决心

在接下来的日子里，我们对村子进行了深入走访与调研，与镇政府有关领导、村两委干部、大学生村官以及 25 户农户，近百名村民进行了沟通与交流。在回忆起当初地震时的地动山摇以及地震后的重建工作时，很多村民都记忆犹新。

住在集中村三组的蒲大姐对我说：“地震发生后这里与外界完全断绝了联系，全村上下一片狼藉，农房变成了废墟，全村百姓在村两委的指挥下开始了自救行动，大家有组织的在室外搭起了塑料大棚，家家都将自己能够抢救出来的粮食、蔬菜和腊肉拿出来与大家分享，村领导也是彻夜不眠，在几个村民安置点中来回巡视，预防余震以及泥石流等次生灾害的发生。直到几天之后，山间出现了解放军营救战士才将我们发现，他们为我们建立起救灾点，解决了全村灾民的正常生活。”说到这里蒲大姐有些激动。

与此同时，政府的救灾援助行动还在扩大，在后来的三个月中，村里的每位村民每月都可领到 30 斤政府发放的赈灾粮食，以及连续发放半年每人每天 10 元钱的救灾援助款。但就是这样，大家还是十分担心，不知道自己到底何时才能回到自己的家中。因为此时据不完全统计：在集中村 261 户农户中，受大地震摧毁、倒塌农房就有 153 户，需要加固和维修的房屋也有 103 户，可以说工作量极其庞大，而对于整个汶川县的抗震救灾工作，这里又仅仅是其中很少的一部分。这些担忧在当时确实困扰了不少集中村的村民。

但令他们没有想到的是，在党中央、国务院的快速指挥协调下，一场城市间的爱心对口援建，正在争分夺秒的展开，集中村得到了广东省中山市政府的援建帮助，政府的房屋重建款也迅速、一步到位，村民拯救家园的行动立即启动。

“修好了房子，抓紧时间挣钱才是出路。”地震

UnRegistered

后，村民刘从云第一个开始建新房，2008 年 10 月，他家就建好了新房，一家 3 口人率先搬进了 130 平方米宽敞明亮的新房。榜样的力量是无穷的，集中村村民们争先恐后的投入到了农房重建工作，快速建起了各家的新房。截止到 2008 年 11 月，全村房屋重建与修缮加固工程就已全部完工。2009 年春节前，全村的村民基本都搬进了新居。在接下来一年多的日子里，政府再次分三次对全村的房屋进行了外墙风貌、庭院、厨房、卫生间及猪圈的改造，全村的整体环境更加得到了改善。

在村里调研这段时间，我们听的最多的就是村民对于国家，对于政府感谢的话语："我们感谢党中央，感谢共产党，国家的政策真是太好了，没有政府的扶持与帮助，我们真的不知道该怎么办，不敢想能过上现在这样的好日子。"这就是集中村村民的心里话。

高瞻远瞩筹划，村民各有幸福目标

三年来，集中村村民在住房与道路得到妥善解决后，"建好新房，如何发展？"成为人们思考最多的话题。家家都在谋划着自己美好未来。在集中村的经济发展规划中我们看到，三年来，该村实行多项产业并行发展道路，推行果、蔬、牧特色产业方式，以发展家猪养殖业，猕猴桃和无公害蔬菜种植业，劳务输出，农家乐旅游等主要途径增收致富。在充分尊重群众意愿的基础上，按照县农业局的技术要求，三年来集中村已建成数十口沼气池，并投入使用。根据地理位置和气候条件，州、镇政府还积极引导群众就地、就近发展特色产业，全村现在共有 400 亩土地耕种了收益价值较高的猕猴桃。同时积极拓展绿色生态养殖，并逐步发展农家旅游、红色旅游，在县旅游局的大力支持下，目前已重点扶持了 8 家农户发展农家休闲旅游，我所居住的赖大哥家就是其中一个旅游农家乐致富的能手。

"一天到晚种玉米，忙碌一年也没什么收成，为了补贴生活不时还要去打工。"2008 年新房重建后，赖大哥一家和其他村民一样，开始思考起自家的"小产业"。随着集中村一天比一天漂亮，游客一天比一天多，赖大哥和爱人罗大姐的致富心思也更加活跃起来，当政府工作人员来咨询意见，能否利用屋子宽、庭院大的优势带头办农家乐时，他们毫不犹豫地答应了。罗大姐还从山里移植了一些十分漂亮的花草，绕着院子种了一圈。"客人都很喜欢我种的花草，说有特色。"2010 年他家拿着刚赚的一万多元钱购买了电视机、电热毯，安装了电热水器，提升了农家乐的档次。如今，他家的"感恩院"农家乐已开业了 2 年。同时，家里还种植了 100 多株猕猴桃。如今，猕猴桃还未挂果，农家乐的水平虽说还停留在吃饭、住宿的水平上，但这些可比震前的日子不知道强多少倍。

另一位村民谢大哥的家则是一幢 2 层高，共 140 平方米的新房。他告诉我："建房所花费的 11 万中，国家给补贴了 1.9 万，自己和老父亲分别向国家贷款 2 万，加上自己多年的积蓄 3 万元，剩下向亲戚朋友借了一部分。"事实上，集中村一排排川西新居图片的重建房几乎都是这样的组合：国家补偿 + 政府贷款 + 个人积蓄 + 亲友借款。这种"倾其所有"甚至不惜举债的建房方式背后，深藏着谢大哥"一辈子要拥有自己房子"的久远梦想。

Unregistered

“我们村里，不论什么时候，每一代人都想盖一个属于自己的房子”，谢大哥几年前就有盖个砖房的打算，只是重建让他把计划提前了，而且房子比自己想象的要好很多。据他说，他打算再向国家贷款3万元养猪来增加收入，尽快还清近6万的建房借款，而且还想通过自己的努力和哥哥一起办个农家乐。

感恩中的社会主义新农村

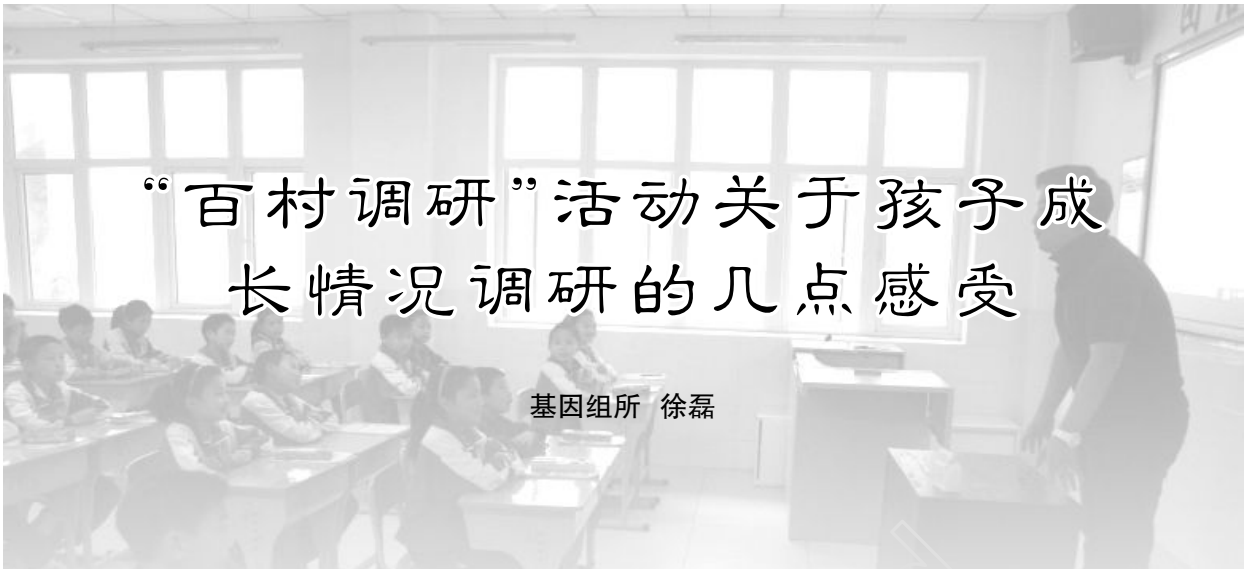
在集中村一周的生活、走访下来，让我感受最深的是这里的人民对待国家、对待社会、对待家人充满着的那份感恩之情。在村里面不论是道路，还是农家院落到处都起着充满感恩的名字。更有意思的是这里家家插着鲜艳的五星红旗，就像每年十一国庆的北京。道路两侧满是感恩的石碑，上面则书写着对援建城市的感恩之情。“任何困难都难不倒英雄的中国人民”，总书记激励人心的话语；以及“总理到过我的家”的感人牌匾。能让我们从中深刻的感受到，这里的人们所具有的满怀感恩之情。

看到眼前的此情此景，我们每个身在其中的人们有理由更加的坚信，汶川人民必将“从被悲壮走向豪迈”的信心和决心。可以说没有我们坚强伟大的祖国，就没有今天的集中村。今天在这里我们看到了大灾之后，村民更加懂得了“感恩与奉献”。

如今，集中村村民又共同制定出了“自力更生创家业，勤俭节约代代强；村容村貌要整洁，心情愉快身体康”等10条健康文明的村规民约作为他们的行为准则。大家说，精神家园的重建是一个长期的过程，他们将把这项工作毫不懈怠的抓下去。

沉舟侧畔千帆过，病树前头万木春。在我看来，温总理眼中的，被称为“社会主义新农村”的集中村，不仅拥有了美丽的环境、完善的居住条件、完备的硬件设施，更主要的是这里的人民充分享受着党中央给予农民的优惠政策，他们的生活正在实实在在的发生变化，他们正与我们一同分享着改革开发、国家腾飞所带来的喜悦。

UnRegistered



“百村调研”活动关于孩子成长情况调研的几点感受

基因组所 徐磊

2011年5月22日至5月29日，我随中央国家机关青年“百村调研”实践活动五团赴四川省汶川县漩口镇集中村开展驻村调研，在出发前我在不停地思考，自己到底可以为汶川的建设以及那里的学生做些什么？终于，在出发的最后一天，我制作了“北京欢迎你，一日游北京”以及我所的专业背景——基因科普知识讲座等课件内容，希望通过这些，能让那里的孩子们开阔思路，引导他们对于学习文化知识以及掌握科学技术的渴望。带着这种期望与未知，我踏上了此次汶川调研之行，来到了汶川县漩口小学，走进漩口镇集中村农户家中，进行走访调研，现将有关情况及感受介绍如下。

汶川县教育科技现状与感悟

5月24日，对于我来说是很有意义的一天。早上7点，经过认真的备课与准备，我怀着一种复杂的情感走上了汶川漩口小学的讲台，与这群经历了特殊考验与洗礼的孩子们进行了心灵的交流与互动。在一个多小时的时间里，我带他们畅游北京、领略文化、“品尝”烤鸭，同时鼓励他们努力学习文化知识，掌握科学技能，将来更好的建设自己的国家与家园。接着，在我所做的基因科普知识介绍主题班会上，这里很多小朋友文化知识的深度大大超出了我的预想，甚至很多同学能准确的回答出有关基因知识的一个有一个问题。在整个授课期间，在我深刻影响他们的同时，我自己也受到极大的鼓舞与震撼。

接着我从班里抽调了5名小学生进行了有关学习能力以及科学知识的调研，调研结果显示这里的孩子跟北京的孩子一样，同样对新鲜事物充满好奇，善于动手和发现。据张卫东校长介绍，该校于2009年8月由广东省中山市出资援建，学校占地42亩，是一所全寄宿小学。重建后，学校的硬件设施得到了极大改善。学校以“以人为本、德育为先、共同发展，与时俱进；阳光每天，幸福一生”为办学理念，着眼于为学生的全面发展、终身发展奠基。在这里，我确实体会到了这一切，每一个走过你身边的小学生，都洋溢着幸福的笑脸，他们已没有太多的羞涩，主动的向我们问好，三年前的灾难对他们心灵的伤害正逐渐愈合。

看着重建后设施完备的学校，面对这些即聪明又可爱且感情丰富的孩子，以及校领导、老师们的坚韧顽强与自强不息的工作精神，让我对这片土地上的人民有了更加全新的审视，同时让我对汶川的未来更加的充满希望。

回到村里，通过几天与农户交流，我的心上又

UnRegistered

不禁缠上几分忧愁。很多家长们尚未真正意义上考虑孩子的将来，当我问他们学历时，他们大多朴实的笑一笑，说：“我初中都没有毕业……”。当我问他们对孩子今后的学业有什么打算时，家长大多回答，“娃不愿意念就打工喽”，“不行就开挖掘机了”（注：由于当地地少人多，每人只有 4 分地，外出打工大多是当地农民的谋生手段。现在灾后重建项目多，挖掘机需求大，有些人初中没有毕业，就去开挖掘机，每月有 3000 多元的收入），科学知识在这里更是不被人们所认知。在我走访的 10 几户家庭中，只有一位外出打工回来居民，明确的说要让孩子上大学。在他们心里，外出打工就是孩子长大后最终的谋生手段。看到眼前的一切，不禁让我心中荡起几丝愁云，当政府的重建与扶持过后，村子的未来有将走向何方，让我不得而知。

有些问题还要我们去思考

调研时间比较短暂，只有短短的一周，关于农村儿童成长和科学知识普及的一些问题还需要我们去深入思考和关注。

1.学校教育与家庭教育还需观念上的统一

现在学校从促进社会发展的角度，为农村孩子准备了良好的教育资源，孩子们在学校感受到社会的关爱，看到的是现代化的社会掠影，听到的是老师们对他们追求知识的鼓励。但每当回到村里，他们看到的是家长们三三两两打牌的身影，听到的是谁谁打工挣到多少钱，哪家娃不念了，打工每月挣 3、4 千的对话。在孩子单纯的心中，很难理清之间的不同，很难树立一个稳定的目标，他们的内心会产生经常的摇摆。

2.集中教育还需加强对方便群众方面的考虑

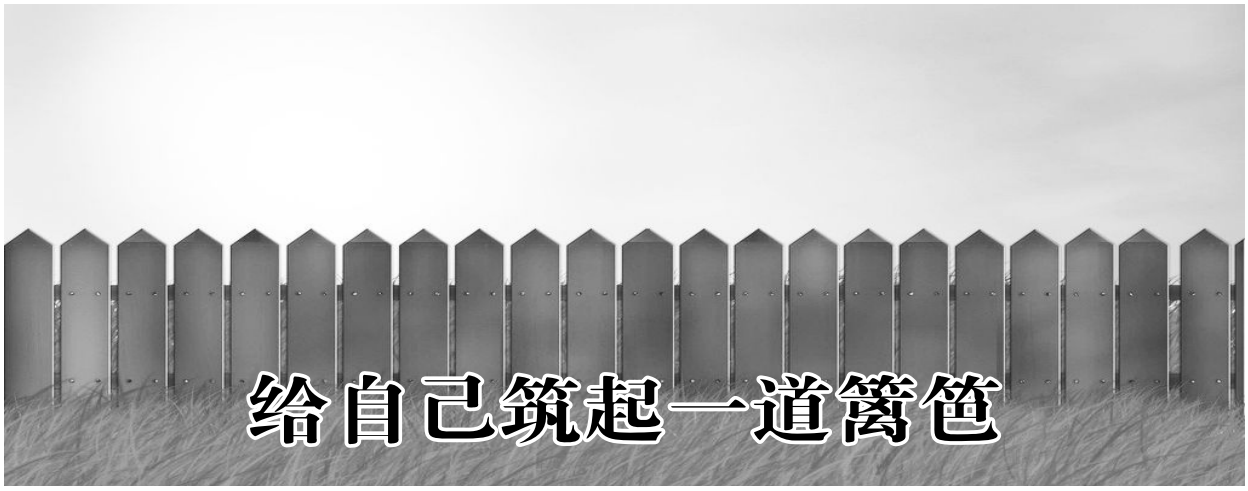
我所在的集中村据镇小学有约 5 公里的山路，实行集中教育后，小学生周一由家长送到学校，周五在被家长接回，上幼儿园的孩子需要家长每天接送，家长大多几个人一起包车接送孩子，没有钱的只有每次走上 1 个小时山路去学校，来回需要 2 个多小时。虽然现在免除了学杂费，但其他费用却随之产生。据了解，幼儿园学费、伙食费每学期 860 元，而每学期家长包车还要交 700 元，交通费用占孩子教育成本比重很大，许多与我交谈的家长希望在村里开设幼儿园。对于小学生，因为住宿的条件，交通费相对便宜一些，但住宿、伙食、交通每学期也要花费 3000 余元。对于农民来说，孩子的教育成本压力还很大。

3.学校教育设施、师资的建设还需平衡

由于重建的原因，在对口地方的大力援助下，漩口小学没有像其他地方学校存在设施老化，师资缺乏的问题。但却产生了新的问题。一是先进的设施带来了维护成本的提高。水、电的花费成了学校支出的一个重要方面，据张校长介绍，每年学校光水费就要花费 80 多万，他曾经和建设方开玩笑的说“你们太热情了，每个教室 10 多个灯管…搞死我啊？”参观时，当我和陪同的老师说到学校排水沟上漂亮的塑料挡板有的部分断裂和漏洞，孩子们有可能绊倒时，老师低声说“维修的钱还不足呀……”。二是师资力量略有过剩。重建后的小学现有 15 个教学班（其中幼儿教育 3 个班），学生 523 名，其中住校生 276 人；教职员工 64 名，中学高级教师 4 人，小学高级教师 37 人，每个老师平均每周只有 10 课时，与大多地方周人均 16 课时相比，老师教学任务还有些不足。三是教师的待遇还较低。与教师交谈中，我了解到，当地教师每月的收入只有 2000 元左右，在消费比较高的乡镇，他们收入还不高，生活还比较艰苦。

无力为困，无计为困，无智为困。困则穷，穷又困…孩子是祖国的未来，是农村脱贫的希望，国家千方百计地为孩子们创造好的教育环境，重视教育已经成为社会的共识，而现在的农村基层教育还需要我们全社会以及更多人的帮助和努力，正可谓任重而道远。

Unregistered



给自己筑起一道篱笆

上一期我们写过一篇:吃什么靠谱? 主要是讲述食品安全问题，因为这是与我们每一个人切身利益有直接关系的大事,必须时时刻刻的提醒。食源性的危害健康已经成为十分头疼，又防不胜防的事情,这些年发生的食品安全事件屡禁不止,什么地沟油、瘦肉精、苏丹红、一滴香、三聚氰胺等等,最近一段时期,有关食品添加剂的事件又搞的人心烦乱，作为我们老百姓真的很难去辨别哪一种食品里有没有添加剂,或者有多少添加剂,加入的添加剂对人体有没有害处?

比如说最近台湾出现的塑化剂事件，已经有三十余年的使用历史，其中以年轻人喜爱的运动功能饮料尤为典型,其副作用会造成女孩性早熟，男孩患不育症，直接伤害人类基因，后果十分严重。在欧洲出现的致命大肠杆菌病毒,污染源从黄瓜、西红柿、豆芽菜开始追查了一大串也没有确认到底是哪一种食物,但有一点是肯定的,食源性不洁是造成的主要因素,吃的不靠谱,已经成为一种世界性流行的诟病。

食源性健康是人类需要共同面对并急需解决的问题，怎样来减少危害，来保护我们的身体健康? 我们觉得每一个人都要认认真真的给自己筑起一道篱笆,有几个小建议:

首先要正确选择食材的进货渠道，相比较而言，大型超市的食材有固定的进货渠道和各种安全检测手段及资质证明，以我们周边的家乐福和大润发为例,这两家大型超市里几乎应有尽有,品种齐全,十分便捷,足够满足我们日常生活需求。

自己动手,尽可能选择在家里做饭。在各种添加剂中,最常见的就是防腐剂、色素、甜味剂等,凡是在外面购买加工后的食品就很难“躲开”这些添加剂。我们用最简便的方法来分析,防腐剂的作用就是延长食品的保质期，色素就是为了增加食品的颜色,甜味剂就是让食品有更好的口感,即使这些都是在安全的范围内使用，对人体健康权且认为是无害,但是,有多少益处呢? 如果稍不注意让那些非法添加剂、过量的添加剂混进来,那么。对人的身体健康就会产生危害。所以,最好的办法就是将食材买回家,自己动手做,就等于给食品安全加了一道篱笆。

至于年轻人喜欢的各种饮料，营养价值肯定不如吃新鲜的水果,这个道理人人知道。当下这个季节正是水果新鲜、价廉物美、品种繁多的时候,可以多吃一些美味的水果。笔者就见一位同事,自从买了一个多功能榨汁机之后，新鲜的各种果汁饮料,都是百分之百的纯果汁,有时候还会把几种水果放到一起,热饮、冰镇,随心所欲,自己动手,乐趣融融。什么防腐剂、色素、添加剂等等,完全与己无关,岂不美哉。

本刊编辑

UnRegistered