

## 新年致辞



全体职工、研究生同学及海内外友人：

大家好！

新年伊始，万象更新！在辞旧迎新之际，我谨代表基因组研究所领导班子，向辛勤工作在科研一线的全所职工、研究生同学致以亲切的问候和新年的祝福！向所有关心、支持基因组所发展的各级领导和海内外友人，致以衷心的感谢和崇高的敬意！

2011年，是国家“十二五”开局之年，也是基因组所各项事业不断推进，扎实发展的关键一年。全所上下面向中科院“创新 2020”，进一步明确“以大规模测序为手段，通过大幅提升基因组和生物信息学新技术、新方法以及计算生物学研究的能力，解决生命科学领域的国际前沿问题和国家重大战略需求的科学问题”的战略定位，确立了以“人类重大疾病的个体化基因组学”、“农业资源动植物基因组学”、“基因组测序和测序技术的研发”、“生物信息和计算生物学”、“系统和合成生物学”为我所 5 个优先发展领域；在已有“中科院基因组学与信息重点实验室”的基础上，建设了“重大疾病基因组与个体化医疗实验室”、“工业生物资源基因组科学实验室”、“农业资源基因组科学实验室”和“计算生物学研究中心”（四室一中心）的发展模式，集中优势实施重大的科学研究计划。在功能基因组、肿瘤基因研究、水稻基因研究、新一代测序技术研发等领域取得了一系列科研成果与技术突破。与国内、外众多科研机构合作完成了“中-沙椰枣基因组”、“人参基因组”等合作项目，在国内、外著名期刊发表学术论文百余篇，较好地完成了 2011 年科研工作任务。

展望 2012，蓝图美好，重任在肩。今年我们将迎来研究所综合实验大楼的竣工落成，这将是基因组所发展的重要里程碑，是我们科学发展的新机遇，是继往开来的新起点。我们要以此为契机，坚持以科学发展观为指导，积极实施“十二五”及我院“创新 2020”规划，加强学科部署与生命科学基因组学原创研究，不断提升科研创新能力和服务社会水平，夯实管理体制机制，不断提高人才培养质量和人才队伍建设，求真务实，锐意进取，推进国际一流研究所建设，为全面开创基因组所各项工作的新局面而共同努力。

最后，我再次恭祝大家新年进步，身体健康，阖家幸福！

北京基因组研究所所长

2012 年元月

# 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

二〇一二年二月 总第二十五期

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 新年致辞

### 热点聚焦

- 4 “双生子遗传和表观遗传研究研讨会”召开 ..... 综合办  
6 基因组所召开 2011 年度职能部门负责人述职会 ..... 人事处  
7 基因组所举办“2011 年度信息宣传培训”系列活动 ..... 徐 磊  
8 所级公共技术服务中心召开 2011 年度工作会议 ..... 所级中心  
9 科普小组作品获“院青年科普创意大赛二等奖” ..... 科普小组  
10 财务处鲍奇获“2011 年 ARP 系统明星用户” ..... 财务处

### 科研学术

- 11 我所构建“脊椎动物进化分支共调控基因数据库” ..... 王大鹏  
12 “水稻重要农艺性状全基因组关联分析”获突破 ..... 王爱菊  
14 “阿尔兹海默症致病机理的系统生物学研究”获进展 ... 冯雪梅  
16 我所成功开发 RNA 在线处理平台“wapRNA” ..... 宋述慧  
17 低氧适应机制研究进展 ..... 邵建明  
20 《GPB》学报 2011 年第 6 期内容简介 ..... 焦玉霞

### 合作交流

- 22 吴仲义所长为 Alexander Tchourbanov 教授颁发外籍青年科学家证书 ..... 翟微波

- 23 孟加拉 Lal teer 种业科技公司代表访问基因组所 ..... 科技处  
23 新加坡南洋理工大学教授访问基因组所 ..... 科技处

## 党群园地

- 24 基因组所召开党委届中工作考评会 ..... 张欣  
25 我所召开 2011 年度党员领导干部民主生活会 ..... 张欣  
26 我所举办研究生 2012 年迎新暨元旦联欢会 ..... 研究生会  
27 我所举行“迎新春健康路上你我同行”健步走活动 ..... 所工会

## 科普之窗

- 28 多米诺科普协会 ——“基因大百科”专题(三) ..... 科普小组  
32 由 WikiCell 带你遨游生物信息数据库 ..... 赵东宇  
34 性格与领导力是先天决定的吗? ..... 张文靖

## 成长博览

- 36 故乡散忆 ..... 郑思  
38 路 ..... 王璐

## 趣味天地

- 40 仙人掌防辐射调查 ..... 李琪丹



# “双生子遗传和表观遗传”

双生子,又称双胞胎,是指同父同母同卵或者异卵共生的两个婴儿。从19世纪70年代以来,随着进化论、优生学、生物学、分子生物学、基因组学等基础学科的发展,双生子研究的理论认识和方法学不断成熟和完善,并在医学、遗传学、心理学、教育学等多个学科领域内取得了重大的发现和成果,为进一步推动双生子基因组、表观遗传学、心理学的相关研究进展,2011年12月27日上午,中科院心理所傅小兰所长、张建新副所长率心理所众多顶尖科学家到中科院北京基因组研究所,共同召开了“双生子遗传和表观遗传研究研讨会”。基因组所吴仲义所长,李俊雄副所长,科技处严江伟处长以及所百人计划曾长青、王前飞、杨运桂、郭彩霞、孙英丽、刘江等研究员,所内所级中心主要负责人一同参加了研讨会。

会上,吴仲义所长首先对心理所傅小兰所长以及心理所科技同仁的到来表示诚挚欢迎,并向心理所的专家介绍基因组所的基本情况、科研实力、以及研究方向。接着,傅小兰所长应邀作了心理所总体情况的报告。基因组所科技处严江伟作了基因组所科研支撑体系——所级中心的情况报告。随后,心理所李新影研究员、陈楚侨研究员、蒋毅研究员、罗宇助理研究员分别做了心理所双生子研究平台和双生子案例的研究报告。基因组所曾长青、王前飞、杨运桂研究员,也根据自身的学科背景与科研进展,分别做了关于双生子疾病和肥胖的研究报告。

报告结束后,两所领导和研究员进行了热烈的讨论,双方均表示对对方的研究很感兴趣。心理所傅小兰所长表达了同基因组所进行双生子研究的强烈合作意愿。吴仲义所长也表示对与心理所的合作充满期待,李俊雄副所长表示要尽快落实合作的架构,开展相关研究工作。



# “研究研讨会”在基因组所召开



研讨会现场



吴仲义所长与心理所傅小兰所长亲切交流

## 经典的双生子研究：

双生子是人类性状和疾病遗传学研究的极好材料。同卵双生子(Monozygotic twins, MZ)具有基本相同的遗传物质,表型特征极为相似。同卵双生子之间的差异可以排除遗传因素的作用,所以可以研究不同环境因素对表型的影响。异卵双生子(Dizygotic twins, DZ)具有 50%相同的遗传物质,其在特点上无异于两次不同妊娠的同胞,但双生子同胞之间具有相同的年龄,进行比较时可以避免年龄的混杂,同时也可以排除不同子宫环境对胎儿发育及成人期疾病所带来的影响。最早提出并应用双生子法的是 Galton(1876),他曾应用这种方法研究遗传与人类智力和才能的关系。随后,许多学者都开始应用双生子

法来研究遗传和环境因素对某些疾病或性状所产生的影响。但由于当时尚未建立起较精确的卵型鉴定法(zygosity determination),不能准确区分 MZ 和 DZ,所以影响了双生子法的广泛应用和深入研究。自 1924 年 Siemens 首次提出了较准确的卵型鉴定法后,双生子法的应用才日趋广泛和深入。目前,双生子研究法已成为国内外公认的、区分遗传和环境相对作用的最理想方法之一,运用双生子研究法对智力、人格、兴趣、态度以及包括药物滥用和药物依赖在内的各种精神疾病的研究开展的非常活跃。

综合办公室 供稿

# 基因组所召开 2011 年度职能部门 负责人工作述职会

人事处 范红媛



杨卫平书记宣读考核及评分办法



述职大会现场

2012年1月10日,中科院北京基因组研究所一年一度的“职能部门负责人年度工作述职会暨中层管理干部年度考核工作会”,在所临时所址二楼会议室举行。所内科技处、人事处、财务处、资产基建处、研究生办公室、党委办公室、综合办公室负责人,分别作了2011年度本部门的工作总结报告。所党委书记、常务副所长杨卫平,副所长李俊雄,PI代表胡松年、赵永良研究员,工会主席肖景发副研究员等作为评委受邀出席,所内职能部门相关人员参加了大会。

在述职大会上,各职能部门负责人从部门年度工作内容、工作重点难点、完成情况、存在问题、如何发挥主观能动性,对研究所发展提出建议或解决研究所重大问题所采取的措施、成效,以及如何在工作中如何坚持原则、严于律己等方面,对各

自部门和本人一年来的工作情况和进展做了详细的汇报,并在汇报结束后对参会评委所提出的问题进行了逐一解答,听取了所领导、PI代表对于部门发展的建议和意见。

汇报结束后,评委们对参加考核的人员进行了评分,同时,各位参加考核的部门负责人也进行了互评。

职能部门年度考评活动在基因组所已经连续举行数年,并已经成为研究所中层干部日常管理的重要举措之一,通过各部门负责人的工作述职,加强了各处室之间的经验交流,取长补短,各有借鉴。通过交流,大家统一了思想,明确了方向,为职能部门如何在“十二五”期间,更好地为研究所科研工作服务起到了积极的引领作用。

# 基因组所举办 “2011 年度信息宣传交流培训”系列活动

综合办公室 徐 磊



为推动研究所中英文网站建设，进一步规范 and 凝聚基因组所信息宣传员队伍，提高研究所信息宣传综合实力，12月13日，基因组所信息宣传工作小组举办了“网站群工作——英文子站改版交流会”与“2011年度信息宣传工作研讨会暨首届信息宣传培训班”系列活动，综合办公室副主任潘立颖主持了全天的交流与培训工作。

在上午率先进行的“英文子站改版交流会”上，中科院网站群 ARP 中心主任丛培民，ARP 中心网站组技术总监杜义华以及技术人员陈潇、周栋与基因组所李俊雄副所长，综合办潘立颖、徐磊、周梦菱、孙明远等所信息宣传工作小组成员，就研究所英文网站改版、科普网站建设等内容进行了深入交流与研讨，并对下一步具体工作的开展进行了实施部署。

接着在下午进行的“基因组所信息宣传工作研讨会暨首届信息宣传员培训班”上，所信息宣传工作小组邀请了中科院国际合作局主管院境外宣

传工作的龚海华，中科院网站主编助理任霄鹏，英文编辑陈娜、保婷婷出席大会并作培训报告。

培训会上，基因组所副所长李俊雄首先对中科院国际合作局、中科院网站专家的到来表示欢迎。接着，所信息宣传专员徐磊向各位专家和所内信息员，作了“基因组所所情简介以及信息宣传作品介绍”的工作报告。中科院国际合作局龚海华老师、院网站任霄鹏助理、院网站英文编辑陈娜分别就“我院境外宣传工作的组织与管理”、“中科院网站的运行管理与新闻报送的有关情况”、“英文稿件写作技巧”等对基因组所的信息宣传员进行了深入的培训，同时还对我所网站建设提出了中肯的意见和建议。通过培训使信息员详尽的了解院信息宣传工作和院、所网站建设的原则与要求，特别是学习到了很多英文稿件写作的方法和技巧，帮助我们提高思想认识与实际撰写的能力。

此次培训活动共有来自研究所各职能部门、重点实验室、平台以及研究组的近三十名信息员参加了培训交流活动。综合办公室希望以此次培训交流为契机，让信息宣传员准确理解和把握我院新时期信息宣传工作的总体发展思路；培养信息宣传员敏锐、快速捕捉各类信息的能力以及从事信息宣传高度的责任感；让大家集思广益，加强交流与协作，努力把研究所的信息宣传工作推上一个新的台阶。

# 所级公共技术服务中心 召开 2011 年度工作会议

2012年1月7日至8日,中科院北京基因组研究所—所级公共技术服务中心,在密云云湖度假村召开2011年度工作会议。基因组所副所长、所级中心主任李俊雄,所长助理、所级中心技术委员会主任胡松年,科技处处长、所级中心管理委员会副主任严江伟,以及中心各分析部主管和近六十名职工参加了会议。本次会议在总结2011年的工作的同时,对2012年中心工作的发展进行了部署。

会上,胡松年研究员首先为大会致词。接着,严江伟处长对所级中心的相关制度建设、中心规划等内容向大家作了介绍。所级中心管理委员会成员张兵,赵文明,王绪敏,娄晓敏分别就所级中心的未来发展进行了深刻的思考,并提出自己的建议和意见。

随后,会议对所级中心LOGO设计征集投稿进行了评选,经过大家的认真甄选比较,最后娄晓敏、郝伶童、庞博、梁芳设计的方案分获一、二、三等奖。会议还宣布了2011年度所级中心各部门评选出的优秀员工和特别表扬奖员工名单,李俊雄副所长和胡松年研究员为获奖人员颁发了奖励证书。

最后,李俊雄副所长进行了总结发言,对所级中心2011年度情况进行了通报,并对所级中心的机构设置,仪器设备,人员情况,总体目标等方面进行了介绍,提出中心的总体思路原则和重点,建立落实了激励和考核制度。

大会结束后,所级中心各分析部分别召开了部门会议,对今后各自运行管理办法、绩效考核方案,区域中心仪器设备共享管理等问题进行认真讨论。

此次会议使所级中心每位员工对今后的发展方向和管理办法等有了更充分的理解,明确了工作职责。中心将在整合研究所现有科研装备资源与技术支撑人力资源的基础上,通过多渠道的装备建设持续投入和高水平技术人才引进,依靠政策引导和管理机制创新,建设研究所公共技术支撑实体,全面提升基因组科学和计算生物学研究领域技术条件支撑能力,打造跨学科的、开放共享的、科研装备和管理水平两方面具有国际一流水准的基因组学所级公共服务中心。

所级中心 供稿





# 多米诺科普小组作品获

## 『中科院第三届青年科普创意大赛二等奖』

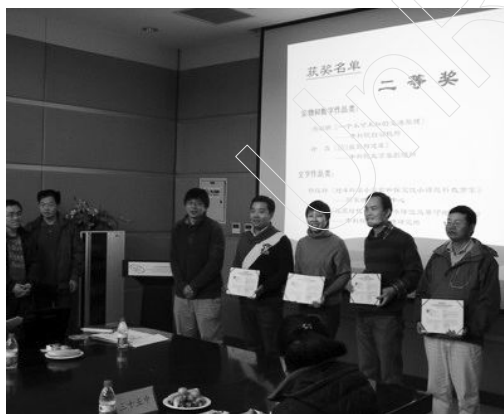
多米诺科普小组 供稿

近日，中国科学院第三届青年科普创意大赛作品评选结果暨颁奖仪式正式举行。中国科学院北京基因组研究所多米诺科普小组原创科普动画作品——《DNA 提取与建库》荣获大赛数字多媒体类作品二等奖。

中国科学院青年科普创意大赛由国家自然科学基金委计划局、中科院科学传播办公室、中科院团委、中科院京区科协共同主办，迄今已连续举办三届，宗旨是培养科研人员的科普理念，营造和谐创新的科普氛围，实现高端科技资源的科普化，促使更多的科普创意服务于青少年科技教育、全社会可持续发展和创新性国家建设。

本次基因组所参赛的《DNA 提取与建库》科普作品，是由基因组所内科技人员、研究生等科普志愿者，凭借自己的专业优势，在业余时间亲自撰写脚本，并利用 flash、3 D 动画以及多媒体等技术制作完成的。作品融科学性、知识性、趣味性、艺术性于一体，并具有很强的互动性，可让参与者以亲历者的视角，寓教于乐的参与科学实验，增长科学知识，享受科技的魅力。

在得知获奖消息后，基因组所多米诺科普协会的科普志愿者们非常振奋，大家集体表示：要以更加严谨的态度、高昂的热情投入到科学传播的工作之中，让更多的人受益。

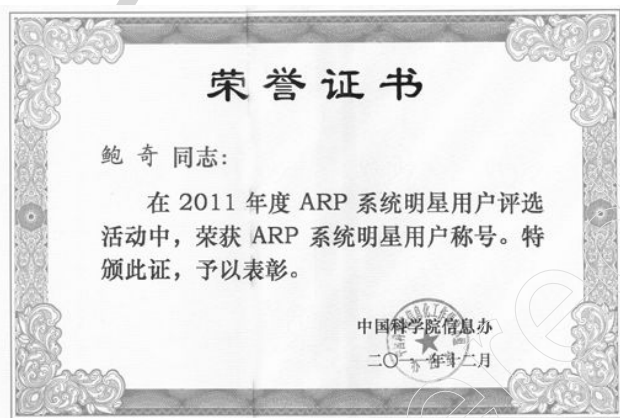


颁奖仪式现场



基因组所获奖科普动画作品首页

## 我所计划财务处鲍奇获 “2011年ARP系统明星用户”称号



为持续推进 ARP 系统的应用,鼓励用户积极参与系统建设,受院信息化工作领导小组办公室委托,计算机网络信息中心于近期组织开展了“2011 年度 ARP 系统明星用户评选活动”,经过各单位的推荐、网上评选和主办单位组织专家组最终评审,共有 60 名同志被评为“2011 年度 ARP 系统明星用户”,80 名同志被评为“2011 年度 ARP 系统优秀用户”。我所计划财务处鲍奇荣获“2011 年 ARP 系统明星用户”称号。

在研究所财务管理方面,ARP 系统综合了人事薪酬、工资成本分摊、信息管理与服务平台、网上报销、预算管理、国库支付系统、电子政务、基本建设等业务模块。一年来,财务系统管理员鲍奇通过 ARP 国库支付系统,及时准确地完成用款计划及支出月报的上报;使用网上报销进行系统管理维护数据、报销审核、授权代理;年底通过基本建设上报基建决算;在事务管理模块中维护、管理个人事务及申请所内会议室资源使用;运用预算管

理模块实现对预算定义、录入、分析等大量的分析、统计及上报工作。

与此同时,通过与科技处、人事处等各部门协调,组织用户培训,前期基础数据采集、维护、各权限分工,我所于 2011 年 4 月 18 日正式实现网上报销同时可查询课题预算,使课题经费控制更精准,科研秘书、课题负责人可实时查询课题经费分析报表,掌握课题经费运行情况,达到从源头上提示、控制超预算支出。

一年来,ARP 系统在我所的成功应用以及系统管理员们的辛勤工作,科学、系统、高效地推进了我所预算管理模块在行政部门及所级立项虚拟课题中的应用,ARP 虚拟课题分析代替原手工计算的老旧方式,大大提高行政人员分析经费时的工作效率,为研究所科研管理创新做出了积极的贡献。

计划财务处 供稿

# 基因组所成功构建 “脊椎动物进化分支共调控基因数据库”

于军组 王大鹏

近日,中国科学院北京基因组研究所基因组科学与信息重点实验室,成功构建“脊椎动物进化分支共调控基因数据库”,该研究成果在《Evolutionary Bioinformatics》杂志发表。

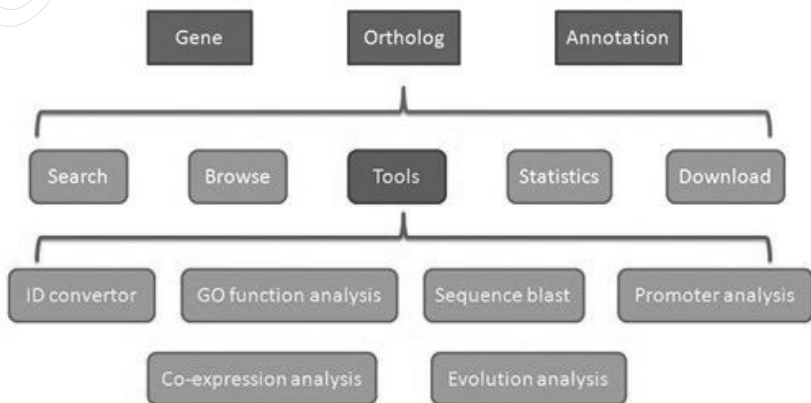
脊椎动物,尤其是哺乳动物,其基因组的序列特征和基因位置关系具有良好的共线性关系,这些复杂且动态的基因排列和染色体结构对于维持体形发育和细胞分化具有重要意义。但其中几个基本问题却一直困扰着科研人员,如:不同进化分支物种(灵长目、啮齿目、食肉目和偶蹄目等)基因组的保守和变异的基因聚类的最小单位是什么?这些基因聚类与核小体定位和染色体折叠的关系?这些基因的聚集是随机的还是有所偏好的?哪些是随机的,哪些是功能相关的?

基于以上科学问题,在中科院北京基因组研究所副所长、基因组科学与信息重点实验室主任

于军研究员的指导下,王大鹏博士、张宇宾和樊中华所在小组收集了广泛范围物种的基因组注释信息,包括哺乳动物、鸟类、爬行类、两栖类和鱼类,并且选择有代表性的昆虫、线虫和真菌作为外群。研究以人类基因组为参照,将其它各物种的基因组以同源基因为原则,以保守的两个“核心基因”为单位(保持转录方向保守的“头对头”、“尾对尾”或者“头对尾”)对应到人类基因组上。并且提供了多种研究共调控机制的工具,如共进化、共表达、基因功能富集和启动子分析等模块。

该数据库及相关工具的构建,为解析具体一个基因或者几个基因在不同进化树分支内保守性和分支间变异性相关的基因复制、丢失、插入、倒位以及染色体水平的多倍化等基因组变异事件提供了有力的支持。

LCGbase 数据库结构和构建流程



# 基因组所合作项目“水稻重要农艺性状

韩斌组 王爱菊

近日，中国科学院北京基因组研究所韩斌项目组利用新一代测序技术和自行开发的用于基因分型的算法，结合对水稻重要农艺性状的群体遗传学分析，开发了一套新的基因组关联分析的技术和方法，实现了对控制水稻重要农艺性状的候选基因的更加精确地筛选和鉴定。该项研究开创了新的基因组关联分析的研究技术和方法，对复杂形状相关基因的高效鉴定实现了新的突破。该研究论文已经被《自然·遗传学》杂志接受发表。

水稻是世界上最重要的粮食作物之一，为世界上近一半的人口提供粮食。水稻在中国乃至全世界都有广泛种植，在长期的水稻种植生产中，各地都保留了大量的水稻种质资源，具备很多优异的农艺性状，是水稻育种改良的宝贵资源。如何高效鉴定全球栽培稻种质资源的遗传多样性以及快速、准确地挖掘水稻优良性状相关基因，以更好地为水稻遗传改良服务，是非常重要的和具有挑战性的研究课题。

韩斌项目组在上一年开展的中国水稻地方品种重测序和全基因组关联分析的研究基础上（论



文发表在 2010 年 Nature Genetics), 又收集了来自世界各国的水稻种质资源, 挑选了 950 份较有代表性的水稻品种, 利用新一代基因组测序技术和自行开发的用于基因分型和缺失数据修复的算法, 构建了一张精确的水稻高密度基因型图谱, 结合对水稻材料的群体遗传学分析, 该项目组准确鉴定了一些可能影响水稻群体分化的基因组区段和候选基因。通过对这 950 份水稻品种的农艺性

# 全基因组关联分析和位点鉴定研究”获突破

状进行了考察,包括抽穗期和十种籽粒性状(包括产量、品质和颜色等三类性状),我们在粳稻群体、籼稻群体和整个水稻群体中分别进行了全基因组关联分析,鉴定到多个新的关联位点。我们同时开发了一种基于单体型分析的局部基因组组装方法,对基因区的不同等位基因分别进行组装,鉴定序列变异。在定位到的关联区域中,通过整合水稻

基因注释、芯片表达谱信息和序列变异信息,实现了更精确地对候选基因进行筛选和鉴定。

Paper link: <http://www.nature.com/ng/journal/vaop/ncurrent/full/ng.1018.html>

Contact: Professor Bin Han Email: bhan@ncgr.ac.cn

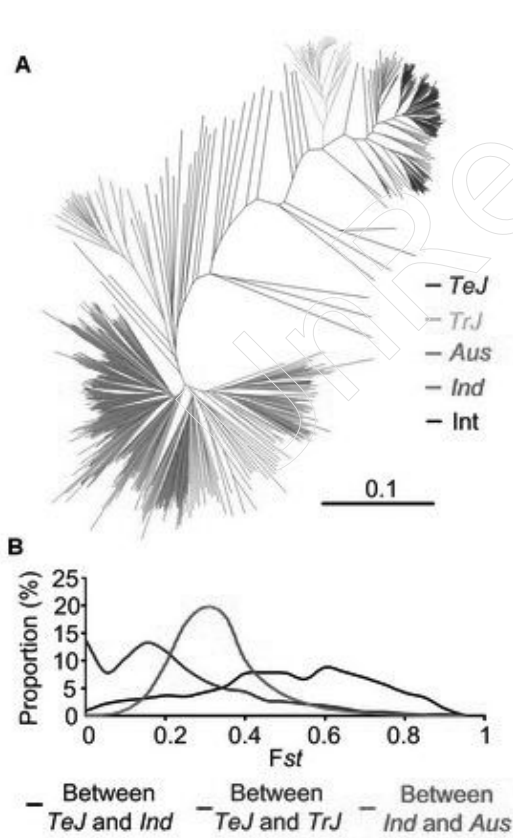


图 1:水稻材料的群体结构图

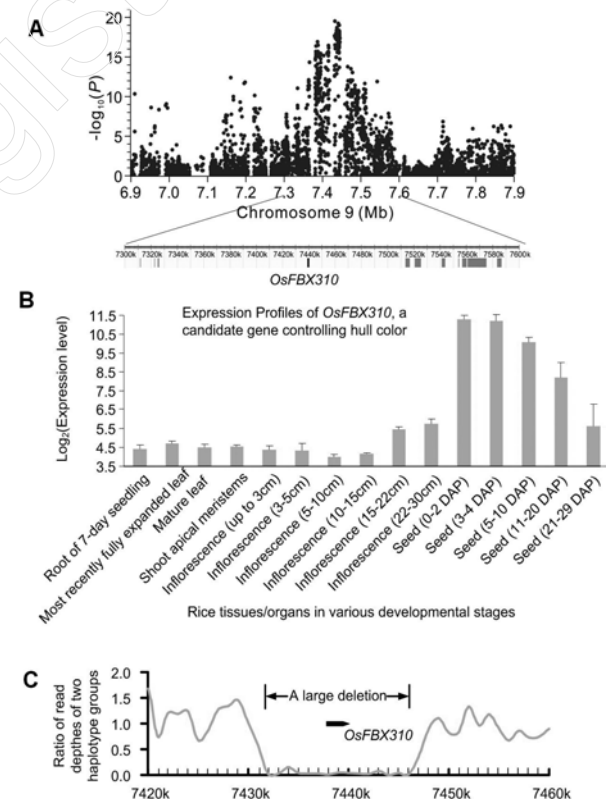


图 2:通过 GWAS 定位的控制水稻种壳颜色的候选基因及其表达模式和变异分析

# 雷红星研究员“阿尔兹海默症致病机理的系统生物学研究”

雷红星组 冯雪梅

近日,中国科学院北京基因组研究所“百人计划”研究员雷红星开展的“阿尔兹海默症致病机理的系统生物学研究”取得阶段性进展,其研究论文《阿尔兹海默症中的能量代谢下调是神经元在微环境下的一种自我保护机制》(Down-Regulation of Energy Metabolism in Alzheimer's Disease is a Protective Response of Neurons to the Microenvironment),于2011年10月在《Journal of Alzheimer's Disease》杂志上发表。该文对于阿尔兹海默症的致病机理进行了系统的研究,基于现有数据及分析结果,提出了一个新的假说,认为AD中能量代谢的下调是神经元在微环境中通过降低营养物质和供氧的等级来进行自我保护的一种特殊机制。进入AD后期,则正是这种较低等级的能量代谢和较高等级的调控和修复压力产生的矛盾,触发了细胞的凋亡。

阿尔兹海默症(Alzheimer's disease, AD)是全球3500万痴呆患者中最主要的发病形

式,其中又以迟发型老年痴呆(late-onset AD, LOAD)最为常见。AD的组织病理学特征是细胞外A $\beta$ 淀粉样沉淀以及神经元内由tau蛋白引起的神经纤维缠结。自1907年AD被首次描述以来,无数科学家付出了巨大努力,却始终无法准确地解释AD的致病机理。在淀粉样蛋白假说(Amyloid Hypothesis)中,A $\beta$ 蛋白聚集被认为是神经元退化、凋亡直至痴呆产生的触发因素,但是AD是如何一步步发展致病的,却仍是一个有待深入研究的问题。在过去的十年里,全基因组基因芯片技术被广泛应用到AD致病机理的研究中,基于功能富集,通路和网络扰动,一些公共芯片数据被反复分析。但是由于大多数的芯片实验都是针对AD后期进行的,这样很难推断出AD的致病机理。

为了研究AD的进展机制,雷红星研究员及其研究团队对于AD不同疾病阶段的芯片数据进行了全面地收集、过滤以及整合。由于衰老通常被认为是LOAD的主要致病因素,因此,正

## 获进展相关论文在《Journal of Alzheimer's Disease》发表

常衰老的样本被视为 AD 的前兆阶段进行分析。通过对 AD 不同阶段芯片数据的整合分析,显示了 AD 发展进程中细胞机器是如何一步步损坏的。在 AD 早期, A $\beta$  蛋白聚集会导致生物合成和能量代谢的下调,而随着疾病的发展,会进一步导致信号转导作用的增强。在疾病的晚期,细胞凋亡作用则表现比较显著。通常来说,能量代谢的下调被认为是氧化应激所导致的线粒体损害造成的,然而,对于 AD 不同疾病阶段的研究,并没有发现氧化应激反应的增强和电子传递链的下调。由此,研究人员提出假设,认为 AD 中能量代谢的下调是神经元在微环境中通过降低营养物质和供氧的等级来进行自我保护的一种特殊机制。进入 AD 后期,则正是这种较低等级的能量代谢和较高等级的调控和修复压力产生的矛盾,触发了细胞的凋亡。这一新的假说对于 AD 致病机理的研究起到了

积极的推动作用,为 AD 的药物设计也开辟了新的思路。

论文链接 :<http://iospress.metapress.com/content/hh90w86562607245>

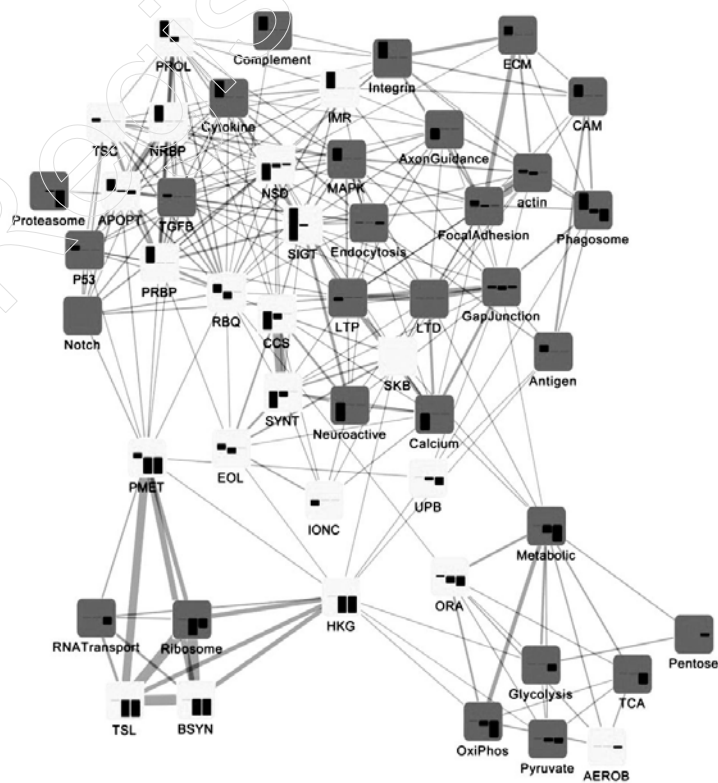


图:功能模块和通路网络(海马区,前三个阶段:aging,ND\_H,AD\_H)

# 基因组所成功开发 RNA 在线处理平台 “wapRNA”并发表相关论文

所级中心 宋述慧 刘万飞

近期,由中国科学院北京基因组研究所胡松年研究员、宋述慧副研究员和生物信息平台负责人赵文明等共同组织构建的 RNA 在线处理平台“wapRNA”成功上线,相关论文在国际期刊《Bioinformatics》上发表。

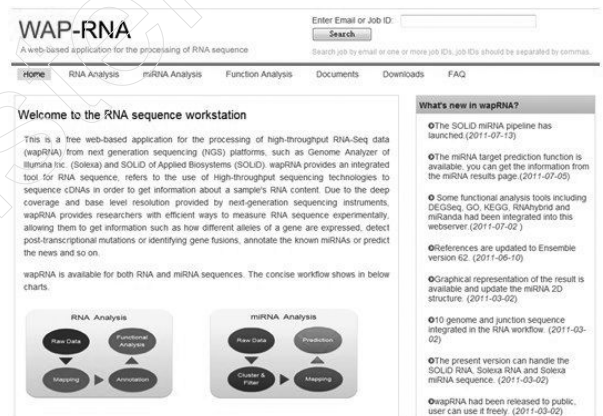
随着基因组测序技术的飞速发展,越来越多的科学家想通过研究 RNA 分子(mRNA 和 miRNA)的表达变化来探索生物学问题、揭示生命过程和了解疾病发生等。然而,由第二代测序技术产生的海量数据具有更高的软硬件要求,比如大型计算机、海量存储、专业的计算机维护人员、适应新数据要求的数据处理软件、专门的数据分析人员等,这给传统的生物科学家带来了新的机遇和挑战。

为了解决传统科学家在海量数据处理方面面临的问题,基因组所科研人员针对不同的第二代测序技术(主要有 SOLiD 和 Solexa)和不同的研究对象(mRNA 和 miRNA)开发了基于网站的 RNA 在线处理平台 wapRNA。该平台提供了一套完整的工具,可以使传统科学家通过在网站上简单的选择来完成从 RNA 原始数据(rawdata)处理到获得最终结果等一系列数据处理过程,同时还提供了可供用户下载的每一步数据处理过程结果及统计图表信息。此外,研发人员还集成了一些常用的功能分析模块,比如基因差异表达分析(DEGseq)、代谢通路分析(KEGG)、Gene Ontol-

ogy 分析(Go)和 miRNA 靶基因预测(Target prediction)等,以及可以在本地执行的程序包,可以让大家方便的在本地计算机上安装使用。

文章链接:<http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/27/21/3076>

网站链接:<http://waprna.big.ac.cn>



## 知识介绍:

RNA 作为三个主要的生物大分子之一,是了解生物生长、发育、疾病等重要生命过程的关键物质。RNA 主要分为两类,一类是 messenger RNA (mRNA), 利用自身携带的遗传信息来指导蛋白质的合成;另一类则是通过催化生物反应、控制基因表达、影响染色体结构等来实现自己的功能,这类 RNA 中研究比较深入和广泛的是 microRNA (miRNA), 它通过与 mRNA 相结合抑制或者降解靶 mRNA 来实现转录后调控。





## 低氧适应机制

# 的

## 一些研究进展

2011 级博士生 邵建明

种疾病如心血管疾病，肿瘤的发生发展密切相关<sup>[2]</sup>。随着全球人口的快速增长，高原的战略地位也愈显重要。因此，人们在过去的 20 年里投入了大量的人力物力进行低氧分子机制的研究。下面就目前国内外的研究现状做些小结。

氧作为人类以及地球上绝大多数生物生存所必须的元素，参与着物质代谢以及能量的产生。在我们的日常生活中，低氧是一种常见的现象，例如，人体内部的正常生理环境就是一种低氧环境。例如，在心、肝、肾内的氧浓度大约在 4%–14%；脑中的氧浓度大约在 0.5%–7% 之间<sup>[1]</sup>。我们在睡觉期间可能会出现间歇性的缺氧；伤口的愈合也是一种缺氧环境；此外，随着海拔的升高，大气压的下降，高海拔地区的氧浓度相对于海平面会降低，从而形成天然的低氧环境。

对于高原低氧的不适应，会产生各种各样的急、慢性高原疾病，严重不适者甚至会产生高原肺水肿以及高原脑水肿。然而，我国有近 250 万平方公里的面积是位于高原之上，生活着上千万人口。此外，每年有着大量的游客去往高原旅游，这些游客中，有很多为高原不适应者。因此对于低氧适应分子机制的研究将有助于对这些人的体质进行判断，并进行相应的治疗。此外，低氧代谢通路与多

最初对于低氧分子机制研究主要集中在生理及表型水平。人们发现一些世居高原的人相对于海平面的人而言，更适应在高原生活。如，安第斯人，我国的藏族人等。研究人员通过比较高原人群与低海拔人群之间的一系列生理性状，例如，血红蛋白浓度，血氧饱和度，NO 浓度，血细胞比容等，来初步推断出可能与低氧适应相关的性状，以及这个性状可能涉及到的通路。但是，不同的人群高原适应的机制又似乎有差异。例如，在相同的海拔条件下，藏族人的血红蛋白平均浓度要比安第斯人低 3.6g/dl<sup>[3]</sup>。最近的研究显示，安第斯人群通过肺动脉高压来加快血流和促进肺部氧气交换，而藏族人通过提升血液中 NO 含量来加快血液流速以保持氧的供应<sup>[4]</sup>。此外，埃塞俄比亚高原也居住着高原人群，但由于此人群在组成上比较复杂，可能拥有不止一种低氧适应机制。

随着人们对各种急慢性高原疾病的认识的深入，研究人员开始用患各种急慢性高原疾病的人

与正常人进行可能的候选基因的 case-control 研究。希望通过高原疾病来提示一些可能与低氧适应相关的基因以及相关的分子通路。并找到了许多可能与低氧适应相关的基因，如 ACE、CYP11B2、NO 代谢相关的 NOS1、2、3 基因，以及 HIF1A 和 HIF2A 等<sup>[5]</sup>。然而，对于这些基因在不同的文章中的重复性并不好，可能在一篇文献中证明可能与低氧适应相关，但是在另外一篇文献中，可能就与低氧适应无关。因此，许多基因仍然有待于进一步的验证。而且，人们对于这些基因之间是如何相互作用从而产生适应的生理状态的具体机制并不清楚。

随着全基因组关联分析(GWAS)方法的广泛运用，研究人员也将此方法用于了低氧适应相关候选基因的筛选。2010 几个独立的研究团队，利用高通量分型以及统计学手段，筛选出了一系列可能与藏族人低氧适应相关的基因，如，EPAS1、EGLN1、PPARA 等，其中以 EPAS1 和 EGLN1 的重复性最好<sup>[6-9]</sup>。Cynthia M. Beall 结合血红蛋白浓度的表型数据，发现藏族人群中特有的 EPAS1 单体型可能与藏族人群的地血红蛋白浓度相关。与此同时，Bigam 利用 GWAS 在安第斯人群中找到一些基因可能与安第斯人的低氧适应相关，但并未检测到 EPAS1 信号，却发现 HBE1、EGLN1 可能在安第斯人群的高原低氧适应中起作用<sup>[10]</sup>。这几项研究通在一定程度上证实了前面关于藏族人群与安第斯人群的高原低氧适应的生理机制存在差异这个假设。这几项研究虽然从全基因组水平筛选出了一系列可能与高原低氧适应相关的基因，但由于所用的 SNPs 都为 common SNPs，所以并不能确定哪些 SNPs 对基因产生影响，因此还需要其他方法的弥补。同年，Xin Yi et al. 对 50 个藏族人进行全外显子测序，希望能找到一些与低氧适应相关的基因的突变<sup>[11]</sup>。虽然在 EPAS1 等基因中找到了新的突变，但由于这些突变绝大多

数位于内含子中，因此对这些突变的功能不能做出很好的估计。

综合以往的研究，HIF1A 和 HIF2A(EPAS1)与低氧适应的相关性最大。加上肿瘤研究和模式动物低氧调节机制研究，人们已经对低氧感知及调节的信号通路有了一定的了解。即，在常压常氧下，HIF1A 以及 HIF2A 蛋白会被 PHD2 在 pro402 或者 pro564 进行羟基化，羟基化后的 HIF1A、HIF2A 会被 VHL 进行泛素化，然后经由蛋白酶体降解。在低氧状态下 HIF1A 和 HIF2A 不会被羟基化，从而不会被泛素化再被蛋白酶体降解。稳定存在的 HIF1A 及 HIF2A 就会行使其转录因子的功能，促进被其调控的基因的表达。但是 HIF1A 以及 HIF2A 的下游基因都有哪些，当时并不是非常的清楚。

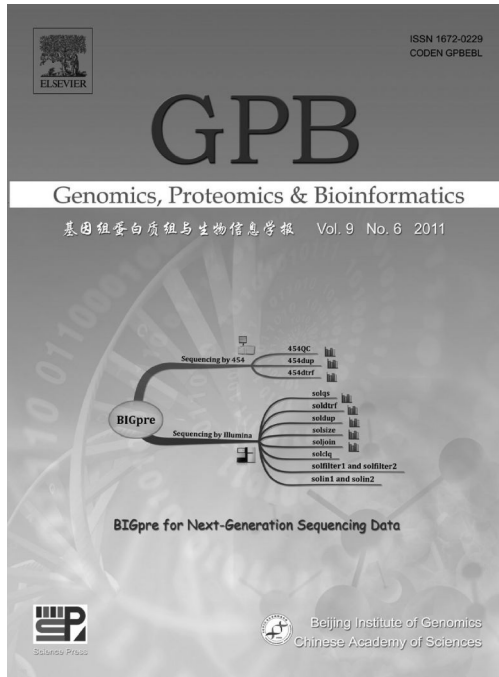
近两年，许多研究人员利用 ChIP-Seq 的手段以及各种正常或肿瘤细胞系进行 HIF1A 以及 HIF2A 的下游基因研究，得到了几百个候选的 HIF1A 以及 HIF2A 的下游调控基因<sup>[12]</sup>。从这些候选基因列表中可以看出，HIF1A 和 HIF2A 有一部分调节的基因是相同的，但也有各自特有的一些调节基因。但是考虑到基因表达的组织特异性，利用细胞系来做 ChIP-Seq 研究，其结果会有一些的局限性，即可能会丢失一部分信息。此外，在肿瘤的发生发展中，以往人们认为 HIF1A 和 HIF2A 通过相互协同从而促进肿瘤的发生和发展，但是最近越来越多的事实证明，通过 HIF1A 和 HIF2A 各自特有的下游表达基因，HIF1A 和 HIF2A 有时会表现出相反的功能<sup>[13]</sup>。

综上所述，由于方法和实验样本的限制，我们对于低氧的分子机制了解的还是很少。以后的研究应该从不同的层面系统的进行。如，从全基因组、转录组以及表观遗传组等多方面方面，对相同的样本进行深度挖掘；综合不同调控水平的结果形成系统的认识。

## 参考文献:

1. Ivanovic, Z., Hypoxia or in situ normoxia: The stem cell paradigm. *J Cell Physiol*, 2009. 219(2): p. 271–5.
2. Lendahl, U., et al., Generating specificity and diversity in the transcriptional response to hypoxia. *Nat Rev Genet*, 2009. 10 (12): p. 821–32.
3. Beall, C.M., et al., Hemoglobin Concentration of High–Altitude Tibetans and Bolivian Aymara. *American Journal of Physical Anthropology*, 1998. 106: p. 385–400.
4. Beall, C.M., Two routes to functional adaptation: Tibetan and Andean high–altitude natives. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2007. 104 Suppl 1: p. 8655–60.
5. MacInnis, M.J., M.S. Koehle, and J.L. Rupert, Evidence for a genetic basis for altitude illness: 2010 update. *High Alt Med Biol*, 2010. 11(4): p. 349–68.
6. Beall, C.M., et al., Natural selection on EPAS1 (HIF2alpha) associated with low hemoglobin concentration in Tibetan highlanders. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2010. 107 (25): p. 11459–64.
7. Simonson, T.S., et al., Genetic evidence for high–altitude adaptation in Tibet. *Science*, 2010. 329(5987): p. 72–5.
8. Xu, S., et al., A genome–wide search for signals of high–altitude adaptation in Tibetans. *Mol Biol Evol*, 2011. 28(2): p. 1003–11.
9. Peng, Y., et al., Genetic variations in Tibetan populations and high–altitude adaptation at the Himalayas. *Mol Biol Evol*, 2011. 28 (2): p. 1075–81.
10. Bigham, A., et al., Identifying Signatures of Natural Selection in Tibetan and Andean Populations Using Dense Genome Scan Data. *PLoS Genet*, 2010. 6(9).
11. Yi, X., et al., Sequencing of 50 human exomes reveals adaptation to high altitude. *Science*, 2010. 329(5987): p. 75–8.
12. Schodel, J., et al., High–resolution genome–wide mapping of HIF–binding sites by ChIP–seq. *Blood*, 2011. 117(23): p. e207–17.
13. Keith, B., R.S. Johnson, and M.C. Simon, HIF1alpha and HIF2alpha: sibling rivalry in hypoxic tumour growth and progression. *Nat Rev Cancer*, 2011. 12(1): p. 9–22.





2011年第6期《基因组蛋白质组与生物信息学报》(Genomics, Proteomics & Bioinformatics, GPB) 共发表6篇文章包括1篇综述,3篇研究性文章,1篇方法以及1篇应用软件说明。其中,在我所胡松年研究员及于军研究员的指导下,博士生张同武所在小组于近期开发了综合性的新一代测序数据质量评估软件包—BIGpre。随着测序技术的飞速发展,新一代高通量测序技术目前已经成为基因组学的主要工作。然而,新一代测序技术读长较短,存在冗余序列和大量的测序文库污染,因此对于数据的处理提出了更高的难度。BIGpre可以对Roche平台的454数据和Illumina平台的Solexa数据类型进行质量评估和过滤,原始测序数据经BIGpre处理后,结果将以图像和分析报告的形式产出,便于数据分析者后续使用分析。BIGpre软件包不仅纠正序列正反向顺序,考察测序序列GC含量和碱基质量,同时还可以快速去除冗余序列,测序错误序列等。该软件包由Perl脚本整合R统计包编写,使用方便,运行速度快。BIGpre软件包可从<http://bigpre.sourceforge.net/>

## 《GPB》学报

学报编辑部 焦玉霞

net/ 免费下载使用。

本期有3篇关于植物小RNA的文章。小分子RNA(sRNAs)是在很多生物中发现的18–30个碱基的非编码调控元件,在转录和转录后水平参与基因调控。Guleria P.等对植物小RNA的生成,作用方式和在非生物胁迫如氧化,矿物质营养缺乏,脱水,甚至机械刺激等的角色进行了综合论述。另外,同一组作者用生物信息学方法从甜叶菊的EST序列数据库中鉴定了一个保守的miR414并用茎环扩增(stem-loop RT-PCR)实验鉴定了6个保守的miRNA,其中包括miR414。这些miRNAs的表达在不同组织和发育时期存在差异。这是首次在甜叶菊中报告这些保守miRNA及其表达。同样,Pani A.等用已知的植物miRNA从青蒿的EST数据库中鉴定了6个可能的miRNA和8个可能的靶基因。其中7个靶基因编码酶蛋白并参与青蒿素的生物合成。这是首次通过生物信息学的方法研究证实了miRNA的靶基因参与青蒿素的生物合成。众所周知,青蒿素有防治疟疾的疗效,近期研究也表明青蒿素能抑制癌细胞增殖,具有抗癌潜力。但青蒿中青蒿素含量较低,严重限制青蒿素药物的商业化。本研究可能有助于我们了解miRNA介导的调控机制对青蒿素合成的影响,

# 2011 年第 6 期内容简介

为提高青蒿素产量提供新的思路。

此外,本期还发表了 Chauhan N. 对三种利什曼原虫 (*L. donovani*, *L. infantum* and *L. major*) 基因组密码子和氨基酸使用的分析,揭示所有这三个物种都有突变偏见和翻译选择。最后,本期中方法部分 Liao J. 等对蛋白分离过程中染色方法,预制胶条的 pH 值以及最适上样量等进行优化,并利用高温胁迫的籽粒进行比较验证,为分离水稻早期籽粒中总蛋白提供了高分辨率的双向电泳图谱。

最后,本期还包括 GPB2011 年的总目录以及对 2011 年所有审稿人的致谢。GPB 将在 8 月份出版 microRNA 的专刊,由李彤彬博士担任 guest editor,欢迎大家积极投稿,详情请查看本期的 Call for Papers for GPB Special Issue on microRNA 或 GPB 主页 ([www.elsevier.com/locate/gpb](http://www.elsevier.com/locate/gpb))。

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](http://www.sciencedirect.com/science/journal/16720229)) 中浏览下载,欢迎大家积极阅读,引用并投稿。

## 附:本期目录

### Review

Plant small RNAs: biogenesis, mode of action and their roles in abiotic stresses

### Articles

Computational identification of sweet wormwood (*Artemisia annua*) microRNA and their mRNA targets

Identification of mir-414 and expression analysis of conserved miRNAs from *Stevia rebaudiana*

Comparative multivariate analysis of codon and amino acid usage in three *Leishmania* genomes

### Method

Evaluation of protocols used in 2-D electrophoresis for proteome analysis of young rice caryopsis

### Application Note

BIGpre: a quality assessment package for next-generation sequencing data

### Volume 9 Contents

Acknowledgements to reviewers

Call for papers for GPB special issue on microRNA



## 吴仲义所长为 Alexander Tchourbanov 教授颁发外籍青年科学家证书

科技处 翟微波

2012年1月13日,中科院北京基因组研究所吴仲义所长,在所内报告厅向美国新墨西哥州立大学生物信息部主任 Alexander Tchourbanov 教授,颁发了“中国科学院外籍青年科学家”证书。Alexander Tchourbanov 博士正式成为我院“外籍青年科学家”计划受聘的学者,并获得“国家自然科学基金委外国青年学者研究基金”资助,他将依托基因组所从事对高通量生物学数据(包括第二代基因组测序数据)的计算处理和统计分析。

随后,Alexander Tchourbanov 教授为基因组所科研人员做了题为“Predicting effect of SNPs and de novo variants on splicing”的学术报告。基因组所所长助理王彩平,百人计划研究员曾长青、刘江、王前飞、

杨运桂以及所内七十余名科研人员共同出席颁发仪式及报告会。

Alexander Tchourbanov 博士在美国获得计算机硕士及博士学位,之后一直从事生物信息方面的研究工作,其出色程序设计能力使他得以在由单分子通过  $\alpha$ -溶血素通道导致的离子流式阻塞随机建模领域中,取得了比较出色的成果。他改进的剪切模拟器大大提高了预测由于伴随遗传病而产生的遗传变异所导致的异常剪切事件的精准性。近五年来发表 SCI 论文十余篇。

“外籍青年科学家”计划是中国科学院 2009 年推出并实施的引进海外优秀科技人才计划,其宗旨是通过吸引外国优秀研究人员参与我院研究项目,加强与外国国立科研机构、大学和企业研究人员的合作,充分利用国际智力资源,提升我院科技创新能力。

## 孟加拉 Lal teer 种业科技公司代表访问基因组所

2011年12月3日,孟加拉Lal teer畜牧科技公司总经理Mahbub Anam等一行四人,到中科院北京基因组研究所参观访问并洽谈合作事宜。基因组所李俊雄副所长,科技处严江伟处长,所级中心赵文明、张兵、杜政霖等参加了接待,双方就农业基因组方面的应用前景并对未来的合作模式,合作内容及发展规划进行了交流。

交流活动中,Mahbub Anam总经理一行首先参观了基因组所高性能计算机系统、环境以及基因组测序平台等实验室。随后,在双方座谈会上,李俊雄首先代表研究所同仁向来宾的到来表示欢

迎。接着,严江伟简要介绍了基因组所的基本情况并重点介绍了研究所基因组测序分析平台、核酸和生物信息分析的团队、研究方向与分析方法、流程以及已经取得的科研成果。双方均表示以本次访问洽谈为基础,在农业基因组领域开展长期战略合作,深化合作内容。

孟加拉Lal teer种业科技公司成立于1995年,主要从事畜牧和农作物种子科研、生产、加工、营销等业务于一体的高科技种业企业。目前该公司已成为孟加拉国内最大的同类公司并正在积极与亚洲尤其是南亚国家开展国际合作。

## 新加坡南洋理工大学教授访问基因组所

2012年1月12日下午,新加坡南洋理工大学Ying-yi Hong教授等一行3人到中科院北京基因组研究所进行访问交流。基因组所副所长李俊雄,科技处处长严江伟及所级中心部门主管赵文明、张兵等有关人员一同参加了接待,双方就未来在行为遗传学领域的相关合作进行了交流。

李俊雄副所长首先代表研究所同仁向来宾的到来表示欢迎。随后,Ying-yi Hong教授向大家介绍了行为遗传学领域的最新研究进展,严江伟向来宾简要介绍了基因组所基本情况和所级中心的支撑能力,并就研究所基因组测序分析平台、核酸和生物信息分析团队、研究方向与分析方法、流程以及已经取得的科研成果向来宾做了重点介绍。接下来,参会人员就未来合作的相关领域拟开展的合作展开了热烈的交流和讨论。会后,严江伟陪同Ying-yi Hong教授等一行参观了研究所基因

组测序平台、高性能计算系统等实验室。

南洋理工大学是一所享誉国际的高等教育学府,是国际商学院联合会AACSB International认证的大学。1991年,南洋理工学院进行重组,正式将国立教育学院纳入旗下,更名为南洋理工大学。南洋理工大学现有学生2.5万,分为8个学院,包括工程学院、理学院、生物科学学院、南洋商学院、传播与信息学院、人文与社会科学学院、艺术、设计与媒体学院及国立教育学院。南大属于全球大学50强,全球科技大学前25名,亚洲高校综合实力排名第7,并且是全球科技大学联盟成员和创始校。2011年新开设的医学院,与代表英国最高学术水平的帝国学院合作办学,彰显南洋理工大学作为国际一流学府的强大科研实力。

科技处 供稿

# 基因组所召开党委届中工作考评会

党委办公室 张欣

2011年12月20日,基因组所召开党委工作考评会,由京区党委对本届所党委进行届中工作考评。京区党委副书记肖建春、组织员李利军到会指导。所领导班子成员、党委委员、纪委委员、党支部书记、各职能部门负责人、科研骨干、职代会代表等30余人参加了民主测评会。会议由肖建春主持。

党委书记杨卫平代表所党委作了届中工作报告。报告从发挥政治核心作用和保证监督作用、领导班子建设、党支部和党员队伍建设、反腐倡廉建设、统战工作、群众工作、研究

生思想政治教育等方面总结了本届党委2008年7月成立以来的主要工作,分析了问题与不足,并提出了今后工作的思路。

随后,各位参会代表填写了党委工作评价表,对党委工作进行了民主测评。

根据京区党委《关于进一步改进和完善基层党委考核评价实施办法的通知》,京区党委对研究所党委在届中和届满时分别进行工作考评,采取党委自评、民主评议和京区党委综合评价三个步骤进行,考评结果将由京区党委统计汇总后在年度工作会议上公布。



京区党委副书记肖建春介绍考评程序



杨卫平书记做党委工作报告



# 基因组所召开

## 2011 年度党员领导干部民主生活会

党委办公室 张欣



民主生活会现场

2011年12月20日，基因组所召开2011年度党员领导干部民主生活会。所领导班子成员、党委委员、纪委委员、党支部书记参加了会议。京区党委副书记肖建春、组织员李利军到会指导。

本次民主生活会的主题为“坚持以人为本，发扬密切联系群众优良作风，促进科技创新”。首先由党委委员、工会主席肖景发以密切联系群众为主题做了专题交流报告。报告从党章和马列主义经典著作关于密切联系群众的论述、我党在各个历史时期的群众路线和方针政策等方面阐述了做好群众工作的必要性和重要性，并结合研究所群众工作情况谈了如何更好地发扬我党优良作风，进一步加强群众工作。

随后，党委办公室通报了会前征求到的群众

意见和建议。各位所领导和党委委员分别发言，结合会议主题，对照各自分管工作，认真查找问题与不足，开展批评与自我批评。

肖建春对所党委的工作表示肯定，同时结合会议主题介绍了当前进一步做好群众工作的重要性，并对更好地发挥党委作用、加强群众工作和组织发展工作提出了指导建议。

本次民主生活会增进了所党委和群众之间的沟通 and 交流，对于进一步加强群众工作起到了积极的促进作用。党委将综合各方面意见和建议，分门别类整理后由主管所领导牵头，各职能部门分工负责制定整改落实措施，不断改进和提高各项工作，更好地推动研究所创新发展。

## 基因组所举办研究生 2012 年迎新暨元旦联欢会

2011 年 12 月 21 日下午 5 点整,北京基因组所研究生 2012 年迎新暨元旦联欢会在所附近



的圆山大酒店顺利举行。晚会由漂亮、帅气的 2011 级四位新生马晓璐、杨雪静、贺子龙、王鑫担任主持人。整场晚会由基因组所研究生会策划举办,节目形式多样,表演精彩纷呈。在晚会开场之前,舞台侧面的大屏幕上播放着对 2011 年研究生活动回顾的精彩瞬间的幻灯片及所内各级研究生们对新年的展望并送上新年祝福的录影片,为晚会带来了喜乐融洽的氛围。

节目开始前,研究所于军副所长及李俊雄副所长给同学们做了精彩的新年致辞,希望大家在新的一年里再接再厉,勇攀科研高峰,并对我所即将搬入永久所址进行了展望。此外,包括曾长青研究员、杨运桂研究员、王前飞研究员、孙英丽研究员、谢荷煌研究员等十几位导师也参加此次联欢会,和同学们共度美好夜晚。

联欢会的节目好戏连台。首先晚会在一段火热劲爆的开场舞《爱你》中拉开了帷幕。新民歌独

唱《幸福万年长》及之后的古筝独奏,仿佛一下子把大家带入了青山绿水之中,意境深远,回味

无穷。《科院那些事》的相声表演,更是让大家回忆起了玉泉生活的酸甜苦辣,时不时引来大家阵阵哄笑,拍手称快。小品《水煮西游》节目更是一下子将联欢会的气氛推向高潮,同学们的笑声不断,掌声热烈。在各节目之间,还穿插着抽奖环节,大家兴奋期待着下一个中奖者会不会是自己,对中奖的同学表示热烈的祝贺。整个联欢会节目精彩纷呈,每个人脸上都洋溢着快乐的笑容。

最后在主持人的带领下联欢会的全体表演者合唱《明天会更好》,为晚会画上了圆满的句号。全体 2011 级同学与老师合影留念,将快乐的瞬间永远留在记忆中。谈到对于迎新联欢会的感受,大家不约而同地表示,迎新联欢会让他们感受到了所领导和老师们对新生的关爱;使同学之间有了更深层次的了解,大家期待来年的晚会更丰富,未来更精彩。

研究生会 供稿



## 基因组所举行“迎新春健康路上你我同行” 健步走活动

为迎接新春的到来,深入开展全民健身活动,鼓励所内广大科研人员在课余时间走出实验室,积极开展体育锻炼,增强体质。2011年12月1日、2日两天,基因组所工会成功举办“迎新春健康路上你我同行”全所健身健步走活动。所内共有210余名职工及近百名研究生同学参加了活动。

12月1日,年末的北京冷风瑟瑟,但位于北土城西路的小月河河畔,热情的温度正在上升。中午12点整,来自北京基因组所的百余名健步走人员集中于此。所党委书记、常务副所长杨卫平首先向大家介绍了元大都遗址——小月河的历史背景及周边情况;副所长李俊雄宣布“基因组所健步走活动”正式开始。随着一声令下,大家三个一组五

个一群,迈着轻盈的步伐沿着提前设定的路线,沿小月河两岸向前行进,构成了一道冬日里亮丽的风景线,并经过40分钟的健步走返回基因组所终点。

连续两天中午的健步走活动,让大家在闲暇时间亲近了自然,锻炼了身体。活动中,所工会还根据每名职工所到达的不同站点情况为大家准备了相应的奖品奖励。活动的主办方希望以此次健步走活动为契机,让大家关注健康,每天抽出一定的时间,用适合自身特点的方式锻炼身体,享受运动和快乐。

所工会 供稿



# 多米诺科普协会

## 基因探秘之“生命进化与迁徙”

基因组学的发展，使人类得以揭示生命物质世界的各种前所未有的规律，解开生命之谜，驾驭生命之舟，可以揭示亿万年前生命迁徙之奥秘，进而预测未来变化之方向，使之造福于人，润泽万物。上一期的基因探秘，我们的视角飞向太空，看到基因浩瀚的一面，这一期，我们的思绪将飘回过去，专注于生命迁徙之路。

### 哥伦布与梅毒？

最近科学界争吵最热烈的话题，莫过于梅毒



究竟是不是由哥伦布从美洲带回的。作为第一例真正意义上的全球流行病，对梅毒的研究和探讨，有助于了解疾病是如何通过现代交通工具，在全球范围内广泛传播的。

来自美国亚特兰大埃默里大学克里斯汀·哈珀博士，区别于以往骨骼证据的研究，通过对梅毒家族 26 个细菌毒株上 21 个遗传区域的研究，追踪到梅毒的演化进程，并根据欧洲有史以来第一例有记载的梅毒病例出现在 1495 年，以及哥伦布于 1493 年返回欧洲，于 2008 年 1 月提出假设，梅毒病毒是由哥伦布带回新世界的。

然而这种争论从未休止过，有反对者通过梅毒患者遗骸的研究指出，早在 1493 年以前，就已经出现过梅毒的病例了。直到最近，克里斯汀·哈珀的进一步研究，彻底击碎了反对者们的幻想。其研究团队将 54 个已公布的出现于 1493 年以前的梅毒疑似病例做出——深入研究，发现没有一例可以精确定位于 1493 年以前，而且确诊为梅毒，比如有些遗骸由于位于海边，经过长时间盐分和湿度的冲蚀，根本无法断言其死亡时间。这也进一步证实，哥伦布就是梅毒传播的罪魁祸首，在随后的数十年里，梅毒横扫西班牙、葡萄牙、法国、意大利，并随着战争炮火，肆掠欧洲每个角落，16 世纪上半页，沿着殖民者的足迹，又传播到古老的东方。

# ——“基因大百科”(三)

## 帝王蝶

病毒、细菌这些没有长腿的微生物，迁徙起来还需要人们的帮助，而高等一点的动物就没这么麻烦了，自从娘胎里出来就已经具备了这种能力。

每年秋季，数百万只帝王蝶从美国东北部和加拿大南部飞越数千公里，历时两个月来到温暖的墨西哥中部林区过冬。到来年3月，帝王蝶又会不远万里飞回原来的栖息地。不同于鸟类，这样一次迁徙过程往往需要至少两代蝴蝶来完成，它们从来没有去过越冬的地方，也没有亲属为它们领路，所以背后一定有某种遗传程式在工作。

近日，美国马萨诸塞大学医学院的神经生物学家们成功完成了这一地球上唯一的迁徙性蝴蝶的基因组序列，确定了它们的识别方向的基因，解释了迁徙过程中时间和空间的问题，这也是首个迁徙标志基因组成果。史蒂芬和他的团队估计，帝王蝶全基因组有大约16866个编码基因，其中包括了几类可能涉及其季节迁徙活动的基因，比如视觉和太阳罗盘处理，生物钟，保幼激素生物合成，特定气味受体，化学防御等等相关基因。



## 人类大迁徙

在所有生命的迁徙运动中，人类迁徙是最宏大，最史诗般的。分子人类学家们，利用人类遗传进化的特殊机制，通过研究线粒体DNA(mtDNA)和Y染色体，已经描绘出了空前精确的人类全球迁徙运动路线图，他们在数万年间跨越各个大陆和路桥，一路从非洲迁徙到南美洲最南端的火地岛。

mtDNA相对稳定，在由母亲传给子女时，不会出现重组的情况，造成它们发生变化的唯一因

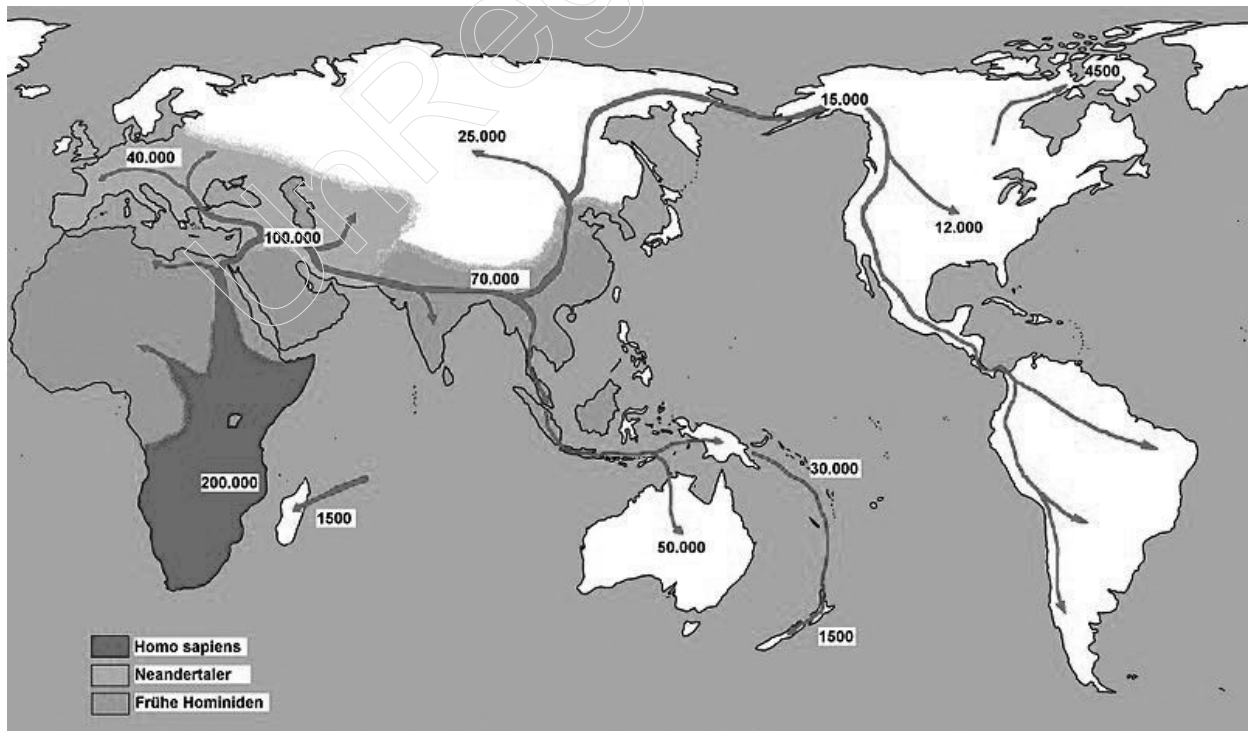
素是自身的突变。这种变异因其相对稳定的速率，而被科学家们作为“分子钟”使用。而Y染色体存在于男性精子细胞核中，卵子中没有，呈现严格的父系遗传，这点与mtDNA恰恰相反，却又互相补充。这种特殊的机制，为探究人类历史和不同人群的血缘关系提供了有力的工具。

1987年加州伯克利的卡恩等人，选择了祖先来自于世界各地的147名妇女，成功提取出mtDNA，对其序列进行了分析，绘制出系统树，并由此推算出所有的mtDNA均可追溯到20万年前的一位生活在非洲的女性，“夏娃”(Mitochondrial Eve)由此被真正意义上发现了。

2000年斯坦福的昂德希尔等人，分析得到了218个Y染色体非重组区位点构成的131个单倍型。在对全球1062个男性个体进行研究，同样绘制了一个系统树，结果与mtDNA的非常相似。于是，“亚当”(Y-chromosomal Adam)也出现在人们的视野中。

按照分子人类学家的推测，人类大约在8-10万年前走出非洲，并在中东产生两个分支，一支走向欧洲，另一支一路向东，穿越印度、东南亚、东亚、西伯利亚、白令海峡、北美、南美最终到达火地岛。而不甘寂寞的欧洲人，则直接穿越大西洋，征服美洲，完成了现代意义的人类大迁徙，当然这是后话了。

不论有意识的还是无意识的，天上飞的还是地下走的，生命在一个又一个轮回中，完成了各自的大迁徙。科学家们对这些生命基因组的研究，让我们更加丰富了对疾病传播的速度、方式，以及进化方向的认识，为我们有效地控制、预测疾病提供了有效手段；让我们更加清晰地认识自然，顺应自然，保护自然，还能够加以转化利用，为人类造福；让我们更加清晰地认识了我们的祖先，促进社会的和谐发展。



## 基因e语

### 什么是进化树?

生物学家根据各类生物间的亲缘关系的远近,把各类生物安置在有分枝的树状的图表上,简明地表示生物的进化历程。

用序列比对的结果可以通过程序建立取代模型并构建进化树,并且进行进化树的评估。进化树的构建是一个统计学问题。我们所构建出来的进化树只是对真实的进化关系的评估或者模拟。如果我们采用了一个适当的方法,那么所构建的进化树就会接近真实的“进化树”。

在进化树上每个叶子结点代表一个物种,如果每一条边都被赋予适当的权值,那么两个叶子结点之间的最短距离就可以表示相应的两个物种之间的差异程度。从进化树中可以看出:生物进化有一个规律,都是从水生到陆生,从低等到高等,从简单到复杂。

### 什么是序列比对?

达尔文通过比较各个物种的形态学特征研究物种进化,从而提出自然选择学说。而如今随着科学的发展,我们开始对基因和蛋白质序列进行比较,尽管目的同达尔文一样,是为了研究物种的进化关系,但是其中过程则更加准确、精细、详尽。

在进行序列比对时,将两个或多个序列排列

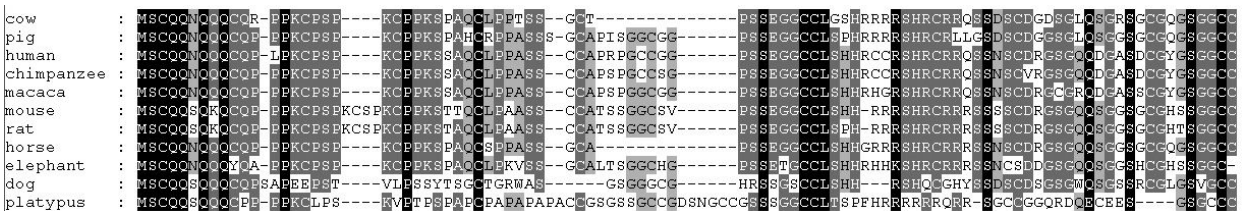
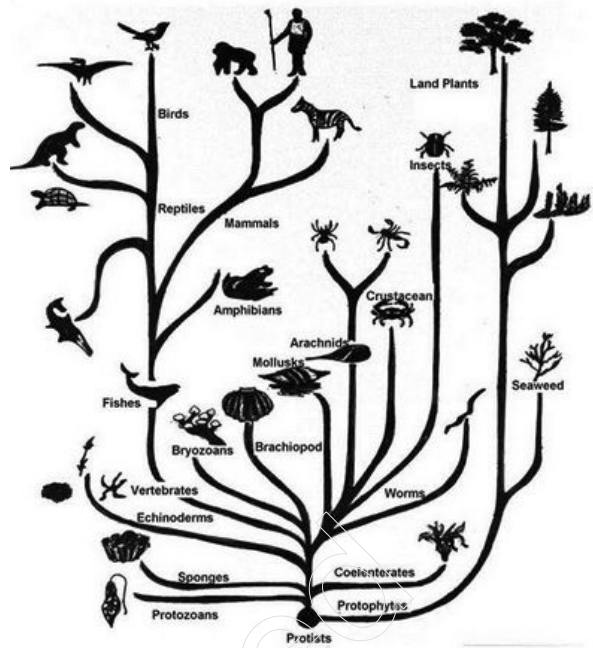


图1 序列比对软件 CLUSTALW 产生的某基因序列比对结果,可以看出人和黑猩猩、大鼠和小鼠非常相似。



在一起,序列中可以插入间隔,对应或相似的符号排在同一列,以标明它们的相似之处。比对的结果中,错配与突变相应,而空位与插入或缺失对应。(图1)

进行序列比对能让人们判断序列间是否有足够的相似性,进而判断其是否具有同源性。如果说相似性是量的度量,同源性则是质的判断。当两个基因或蛋白质具有较高的相似性时,它们可能会具有相似的生物学功能;如果两个基因具有同源性,则能说明它们在进化上具有共同的祖先。

多米诺科普小组一组 供稿



## 由 WikiCell 带你遨游生物信息数据库

2010 级博士生 赵东宇

嗨,大家好!我叫 WikiCell,是于军研究员项目组的新生儿。在肖景发副研究员、吴佳妍副研究员以及组内同学们的关怀呵护下,我健康地来到这个世界。我不仅是分子生物信息数据库中的一份子,也是新一代交互式数据库大家庭中的一员。我和先辈们能够为大家带来方便快捷的生物信息数据和各种各样的处理工具。下面我就带领大家走进我们生物信息数据库的小社会,熟悉并了解兄弟姐妹们所提供的数据与功能。

我们这一大家子种类特别多。归纳起来,大体可以分为 4 个大类,即基因组数据库、核酸和蛋白质一级结构序列数据库、生物大分子(主要是蛋白质)三维空间结构数据库、以上述 3 类数据库和文献资料为基础构建的二次数据库。

基因组数据库来自基因组作图,序列数据库来自序列测定,结构数据库来自 X-衍射和核磁共振结构测定。这些数据库是分子生物信息学的基本数据资源,通常称为基本数据库,初始数据库,也称一次数据库。一次数据库的数据库量大,更新速度快,用户面广,通常需要高性能的计算机硬

件、大容量的磁盘空间和专门的数据库管理系统支撑。具有代表性的如欧洲生物信息学研究所用 Oracle 数据库软件管理、维护核酸数据库 EMBL,美国国家生物技术信息中心(NCBI)所维护的供公众自由读取的、带注释的 DNA 序列的总数据库 GenBank 等。

二次数据库种类繁多,以核酸数据库为基础构建的二次数据库有基因调控转录因子数据库 TransFac,真核生物启动子数据库 EPD,克隆载体数据库 Vector,密码子使用表数据库 CUTG 等。以蛋白质序列数据库为基础构建的二次数据库有蛋白质功能位点数据库 Prosite,蛋白质功能位点序列片段数据库 Prints,同源蛋白家族数据库 Pfam,同源蛋白结构域数据库 Blocks。DBCat 本身也是一个具有一定数据格式的数据库。DBCat 按 DNA、RNA、蛋白质、基因图谱、结构、文献等分类,其中大部分数据库是可以免费下载的公用数据库。此外,国际上许多生物信息中心建有生物信息学和基因组信息资源网络导航系统其中美国 Oak Ridge 国家实验室人类基因组信息资源导航



系统和英国基因组图谱资源中心 (Human Genome Mapping Resource Center, 简称 HGMP) 的 GenomeWeb 所列网址最为详尽, 搜集了世界各地基因组中心、基因组数据库、基因组图谱、基因组实验材料、基因突变、遗传疾病、以及生物技术公司、实验规程、网络教程、用户手册等几百个网址。

由咱们所开发出来的数据库也有很多, 我的这些亲兄弟们本领大、能力强、领域广, 目前仍具有极高的应用价值, 比如水稻、家蚕、家鸡、水稻杂种优势、流感病毒、家猪等数据库。他们随着各自物种基因组图谱的测序成功而问世的, 不仅包含相应基因组的序列、图形, 还包含如 BLAST, GO 功能分类, KEGG 通路的注释等功能。拿我的四哥流感病毒数据库 IVDB 举例, 他已经 5 岁了, 从出生开始就受到病毒学术界的广泛关注。他包含 43,874 条流感病毒核酸序列, 53,983 条 CDS 序列以及 53,983 条蛋白序列; 此外, 还有很多应用型工具, 比如: 流感序列分布工具, 流感序列质量分布系统, BLAST, 多序列比对, 进化树构建工具以及流感病毒可视工具等; 更创造性的构建了全球流感分布地图, 更加直观地分析了流感发生的时间和地域。

先辈们为我们的问世打下了坚实的基础, 同时随着长 reads, 高通量测序仪的不断更新换代, 海量的生物数据提交与存储面临着严峻的考验。旧型数据库后台管理员掌控数据更新的方式已经成为过去时, 伴随着维基技术的成熟, 新一代交互式数据库应时而出, 我就是在这样的时代背景下出生的。WikiCell——人类转录组注释系统, 主要包括: 序列编码区的数据主要是转录组数据, 包括 EST, SAGE 等等。其中, EST 是从一个随机选择的 cDNA 克隆进行 5' 端和 3' 端只做一次测序所获

得的短的 cDNA 部分序列, 代表某个完整基因的一小部分, 在数据库中其长度一般从 20 到 7000bp 不等, 平均长度为  $360 \pm 120\text{bp}$ 。我的构造模仿人类, 由系统, 器官, 组织, 细胞组成, 只不过在组织或细胞上面挂靠的都是转录组的信息, 这些信息能让大家很快知道基因在人的每个部件上表达的情况, 不仅如此, 每条表达序列还追溯到染色体上该表达基因的具体信息。此外我还提供 house keeping 基因的表达分布功能。如果大家觉得我太瘦小, 可以给我补充营养, 我是很 open 的, 只要你让我知道你是谁, 就可以有条件地提交相应的数据, 把我养的白白胖胖, 给大家带来更全面的帮助。你们每一位都是我的好朋友, 上传、下载、搜索、更新等, 只要你想做, 我都能够帮你完成。但是请大家善待我, 虽然我拥有自我修复功能, 还是不要有意的让我生病。

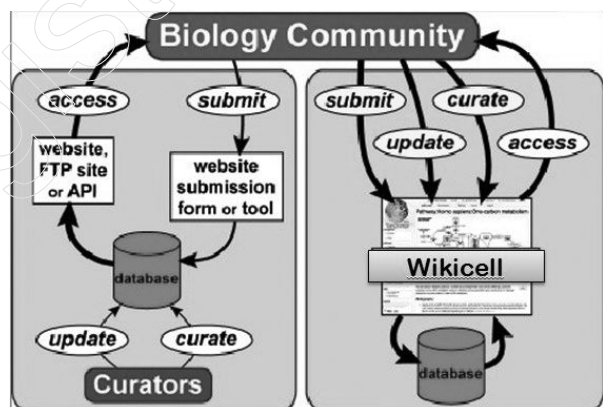


图 1. 主流生物信息数据库与新一代交互式数据库工作流程

与我一起玩到大的好伙伴们也都提供相应领域的研究帮助。比如通路数据库 WikiPathways, 蛋白数据库 Proteopedia, 基因数据库 Genewiki 等, 都是基于维基技术所提供的交互式数据库。大家可以做浏览, 下载, 上传, 更新, 改进等工作。每一位都是维护数据库的管理员, 都有责任善待我们, 让我们更好的服务于用户。



## 性格与领导力是先天决定的吗？

多米诺科普小组 张文靖

众所周知，生物的行为是受生物的遗传基础——基因控制下的复杂生物学反应。每种生物都有自己特殊的行为。生物等级越低，行为模式越单纯。如控制果蝇趋光性的基因，可控制果蝇产生趋光或避光行为。行为遗传学就是研究生物行为的遗传基础的科学。

在试着解答基因对领导力是否有影响这个问题之前，首先让我们了解一下什么决定了领导力。这个问题一直被人们所关注，有人认为决定领导力的因素，包括财务敏锐性、正直感、人际网络、勤奋好学、洞察力及全球公民意识；还有人认为决定领导力的因素，包括动机、影响力、执行力等；心理学家普遍认为决定领导力的因素，包括智力因素、性格因素、价值观等，其中性格因素对领导力的决定性，得到了普遍共识。

通过研究发现，性格因素持续切实地影响领导力的表现和效力，在全球各种不同环境中，认知能力、性格和动机等对领导潜质产生影响。有人发

现在高中生中，性格、兴趣、动机决定社会感知和任务驱动力，决定领导力。

这正应了古希腊哲人赫拉克利特所说：“一个人的性格就是他的命运。”包括这个人是否能成为一个好的领导者。

近年来，关于遗传基础影响领导力的文章也有许多，这些文章包括一些实践者的经验之谈，包括学者的调查研究。有人说：“经验使我们相信，领导才能就像焊接电路板，在 20 岁之前，或 25 岁之前就已形成”。正如，中国古话，英雄出少年。并且许多领导人是世代传承的，如肯尼迪家族和布什家族。这样看来，似乎，遗传基础——基因决定了领导力。但也有人指出，一家银行，发展它的所有员工（共 95,000 人）成为领导者，这反映出领导力是完全可以被培养的。

行为遗传学家曾提出，环境因素直接影响人的喜好、价值观、身体素质等，并通过这些因素间接地对领导力，职业的选择，职场表现，人生态度，

收入等有影响，并且环境因素对领导力等表现也有直接影响。而基因的差异，间接通过影响人身体化学成分的差异(激素分泌,血液成分等),身体素质的差异(身高、体重、性别等)和心理素质的差异(如感知力、注意力、价值观等)来影响人的行为习惯、性格以及领导力。并且环境会对基因产生影响，环境还会影响基因的表达如人体的生理状况等。

在人类行为遗传研究方法中，最为流行的是双胞胎分析法。其中同卵双胞胎基因型 100%相同，异卵双胞胎基因型 50%相同。同卵双胞胎和异卵双胞胎在同一个家庭中长大，近似认为在相同的环境中长大。研究他们的相似性，如 IQ, 性格等。一些同卵双胞胎被分开抚养，可以研究遗传基础决定的相似性，并可将一方在更利于培养领导力的环境中成长，以此来研究领导力受基因的影响。

科学家调查了 1961~1964 年出生的 213 对同卵或异卵男性双胞胎。在这 213 对双胞胎中，有 119 对是同卵双胞胎，94 对异卵双胞胎。调查包括学历和工作的行业职位等。其中从事生产、建设、经营、维护、物流类的有 34.3%，担任专家，副手或技术类的人占 26.6%。在同卵双胞胎和异卵双胞胎在从事的行业和受到教育的水平方面，无明显差异。

调查对象被要求回答两类问题：1) 列出工作相关的并担任领导者的组织；2) 在工作中是否担当可以被认为是管理或监管的岗位。检验发现同卵双胞胎比异卵双胞胎中有更多人曾当过组织领导人和指挥者，在其方面没有差异。将调查所得结果按照领导岗位的高低、同时担任的领导岗位数量的多少，将分数从高往低打分。认为分数越高的人，领导力越强。行为遗传学家在研究领导力的过程中，参与者围绕着是否愿意影响其它人，是否愿意成为众人关注的焦点，当其它人都放弃时是否愿意坚持，是否愿意与人合作。如果回答是，则认

为从遗传上有领导倾向。行为遗传学家认为，“如果这些人的个性使他们愿意并抓住了这些岗位，就意味着这些人的领导力有一定的遗传基础。”

如果有基因影响，同卵双胞胎的相似性应高于异卵双胞胎。在分析中将遗传因素，相同的环境因素，不同的环境因素(如收入水平,读的书,家庭温暖,学校等)综合考虑进去。在相似性方面，其中基因的影响，对同卵双胞胎相同，对异卵双胞胎只占 50%。相同环境对双胞胎影响相同，不同环境影响为 0%。遗传因素的影响就是其占有所有因素影响的比重。这种多因素考虑进去，进行行为遗传分析的方法，已经被普遍接受。科学家们经过一系列计算过程，得出遗传因素的影响为 30%，相异环境的影响占 70%。科学家认为在这种算法下，30%的影响力可能被低估了。因为异卵双胞胎中不同的遗传因素造成的相异性，没有被算入其内。与此同时，研究人员还发现，如果孩子在良好的环境中成长，比如家境富裕、得到家长更大的支持、与家冲突少等，基因对性格以及领导力的影响就要小一些。

由此可知，人的个性与领导力也像生物的其他表型一样，由基因与环境共同作用。并且环境因素的影响在一定程度上也来源于基因。因为，基因还会影响他们是否选择有利于领导力发展的环境。

但领导力这一表型太过复杂，领导力的衡量是否合适需要进一步验证。并且，在分子层面上，环境对基因表达的反作用也不可忽视。还有激素的作用及相应的神经功能等需要探索。

孔子两千年前提出的“因材施教”，放在此处非常有意义。培养一个人的个性与领导力，不应是固定的模式的，甚至于每个人的成长也应该是多种多样的，对一个人的教育若是与其遗传构成相匹配，对社会和个人的益处将不可限量。



2011级研究生 郑思

老家温岭是浙东南沿海的一座海滨小城，也是新千年曙光的首照地。在我的记忆中，故乡是非常美丽的：青山，绿野，池塘，小桥，流水，还有那一排排有着悠久历史的灰瓦屋檐，一个典型的江南小镇。那儿，有许多悲喜交加的故事，如同一幅浓淡相宜的水墨长卷，记录了我童年生活的点点滴滴。那里有我思想的启蒙老师，有与我一起嬉戏玩耍的伙伴，还有儿时为将来编制的美妙的童话世界。

老家的后面有一条小河，沿河栽满了绿柳。记得小时候，河水是清澈见底的，偶尔还能看到水中一群群游动的小鱼。春天，柳儿舞动着纤细的腰，在风中快乐地飘扬着，仿佛在迎接万物复苏时的美好景象。盛夏是最热闹的季节，每天清晨，河边的青石板上会聚满了来河边洗衣服的妇女。浣洗衣服的声音，木锤拍打石板的声音，人们的欢笑声，还有河水流动的声音，交织成一首优美的乐章，使小镇在经历了一夜的寂静后，又开始变得活

跃起来。傍晚，伴着天边渐渐出现的晚霞，结束了一天忙碌的工作，人们会选择来河边散步。偶尔，还会邀上几个好友，在河边找一块空地，小酌一番，开始谈天说地——那是最惬意的时刻。初秋时节，枯黄的树叶渐渐飘零，落入河中，随河水渐渐飘向远方。叶落而知秋，仿佛秋思总会给人带来无限的悲凉。但是，换一种心境，秋天也能给我们带来很多的美好。“落霞与孤鹜齐飞，秋水共长天一色”，这是一种多么美好的情境。秋天是收获的季节，在经过了春与夏的积淀之后，就会结出丰收的果实，河边的田野里那沉甸甸的稻穗就是最好的证明。每当秋收的时候，老人们总是会喜笑颜开，他们常常跟我们感叹生活在我们这一时代是多么地幸福，不用为温饱而发愁，能够享受现代科技的发展所带来的一切便利。小时候的我对于这些话还不以为然，但随着年龄的增长，我渐渐明白在经历了旧社会的困苦生活后，在他们心中，粮食是多么宝贵。而他们在说这些话的时候，又包含了

多少的辛酸!

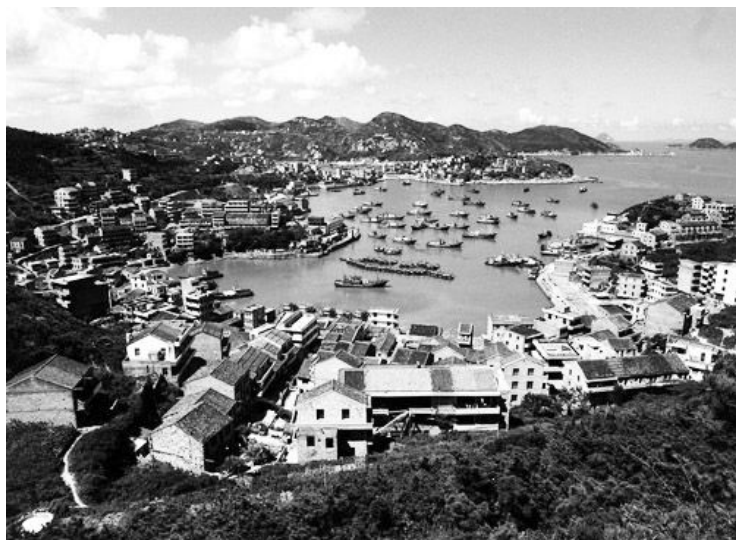
由于靠海,每每战乱,温岭总是首当其冲!从战火中走来的她可谓苦不堪言,满眼的杂草乱石,难觅一丝人迹。记得小时候,爷爷常在我耳边唠叨这样的故事,诉说着他那一辈人所经历的风风雨雨。而每次谈到这个话题,爷爷似乎总是会有讲不完的故事。从小,我就喜欢听爷爷讲这些过去的事情,直到现在,只要有时间,我依旧会坐下来听他述说这些古老的传奇。虽然很多时候他讲的都是些重复的事情,我也会耐心地听他讲下去,而不忍心去打断,因为我知道,那些故事里倾注了他太多的情感和辛酸,那也是他抒发自己情感的一种方式。毕竟,他这一生经历了太多太多,很多是我们这一辈的人(包括我们父母这一辈)永远也无法体会的。而我所能做的,就是去当一个真诚的听众,从这些故事里,更深刻地去了解故乡的历史变迁,更重要的,是希望他能释然,能够过得开心。

在上世纪六七十年代,我的故乡还是个很破旧的小渔村,那个时候,生活在这里的人连最基本的温饱都不能解决。爷爷常说自己是比较幸运的,那时恰好被分配到食堂工作,基本的物质生活算是有了保障,但大多数人的生活条件还是异常艰苦的。若是遇到一些自然灾害,农户们往往颗粒无收,只能在贫困的生活中挣扎。后来,随着改革开放的进行,政府的新政策为故乡的发展带来了新的契机。勤劳智慧的温岭人抓住这个机遇,共同去建设自己的美好家园,人们的生活也渐渐好转起来。一栋栋楼房拔地而起,一个个规划整齐的绿化带悄然出现,新型工业区也渐渐兴起,温岭也渐渐从一个落后的小渔村发展成为一个比较富庶的现代化小城市,人们的生活渐渐步入小康。

几年前,我们搬了一次家,虽然新家

和老家的距离很近,但爷爷还是坚持和奶奶住在那栋老房子里,他对那栋房子有着太深的感情,那里有着他们太多的故事。他说,这一辈子他都不会离开那儿,那已经是他生命中难以割舍的一部分。每次回家,我最喜欢做的事情就是跑回去听爷爷讲那些古老的传奇,陪他去老家后面的那条小河边散步,听他回忆着过去的点点滴滴。岁月流逝,而小河边的景色却依旧如此美丽,河边的各种活动还是如此丰富多彩,但生活中的很多事物正悄悄地发生改变,曾经儿时的玩伴渐渐成长为帅气的小伙和美丽的姑娘,爷爷头上的白发却越来越多,或许,这就是成长的代价……

虽然自己现在身在异乡,但我还是常常会想起故乡的一切,想起那段快乐而幸福的时光,想起爷爷曾经讲述过的故事,想起小河边的细柳枝,时而幻想着自己下一次回家时又会见到哪些新的变化。经过前几代人的努力拼搏,故乡的风貌正变得越来越好,成长是缓缓流淌的溪流,悄然地,我们就长大了,学会了坚强,学会了坦然,生活中的故事很多很多,有欢乐也有忧愁,需要我们一点一滴去感悟。传承先辈留给我们的优良传统,珍惜现在我们所拥有的美好生活,开创属于我们的美好未来,这或许就是我们这一代人所应做的!





“看到了远远的森林，以为没有路。走进去，因树木间有缝隙，还是有路的。进了森林，有了路，却没了方向。可因为进去前看到，所以知道该往哪里走。在故事的结尾她写了这样一句话，很受用：有走进去的勇气就有路，有走出来的信心就有方向。不需多言，一切皆明。”

## 路

2010级研究生 王璐

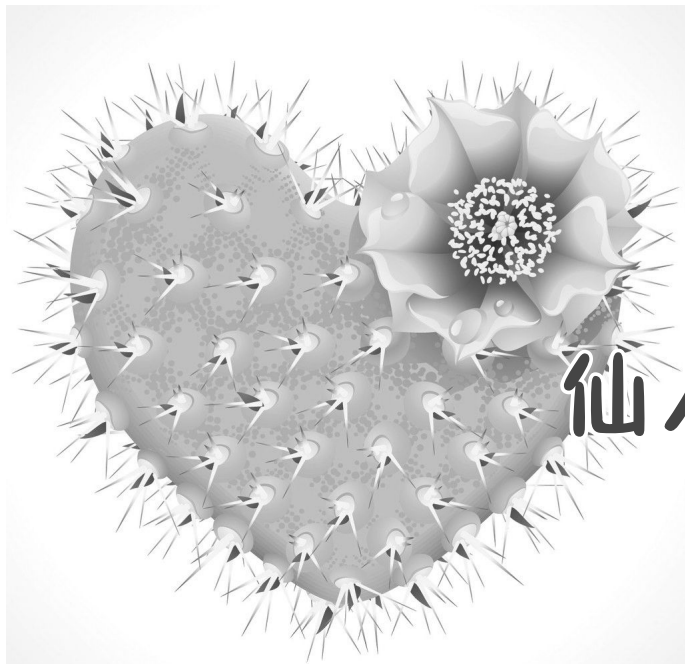
鲁迅先生曾经说：“世界上本没有路，走的人多了，也便成了路。”在研究生院的开学典礼上，生命科学学院的人最多，占了最多的列数，还需要补到别的学院后面。于是想，如此多的人，是不是会走出生命科学的康庄大道来。

虽然之前的道路不尽相同，之后的路也无法预测，但从这一天起，我们开始了同一段旅程。也许，在选择这条路的时候，我们有着不同的经历。对有些人来说，这是接近理想的唯一途径；而对有些人来说，这只是实现理想的途径之一。但，既然选择了这条路，便只顾风雨兼程，不再犹豫。或许这段旅程对每个人来说终点不同，但只要努力过，奋斗过，这都是一段完美旅程。不必纠结谁是谁的过客，我们不过都是这个星球上的匆匆路人而已。于是，从这一天起，不为过去而摇摆，不因未来而畏惧，我们只紧握现在。

然而，路并不总是平坦的。有时候，即使我们信心满满，满布的荆棘也会弄得我们垂头丧气。也

许，我们在路上，却看不到路前进的方向。这时，要坚定，要坚持，不要彷徨，不要放弃，那么自然会有路，自然会有方向。有这样一个故事，我的高中同学从老师那里听来记录下的，是关于原始森林的故事：看到了远远的森林，以为没有路。走进去，因树木间有缝隙，还是有路的。进了森林，有了路，却没了方向。可因为进去前看到，所以知道该往哪里走。在故事的结尾她写了这样一句话，很受用：有走进去的勇气就有路，有走出来的信心就有方向。不需多言，一切皆明。

每每坐地铁到研究生院，总是在玉泉路站下车。地铁里的站牌总是让我印象深刻，念想很久。上面白底黑字的写着：下一站 八宝山。看到这几个字，总会觉得醒目，很提神。并不是因为怕死，只是想到一句话，于是生活得更加努力。这句话就是：生活吧，如同今天就是世界末日一样。走到这一站，应该还有很多路要走。走好这些路，从今天开始。



# 仙人掌防辐射调查

2011 级研究生 李琪丹

很多人都在电脑旁摆放一盆仙人掌，说这样可以防辐射。对此我感到好奇，果真是这样吗？进一步思考，我有更多问题：辐射是什么？为什么电脑会产生辐射？仙人掌可以防辐射吗？我不是学物理的，不知道辐射的确切定义。于是，我打开电脑，输入“辐射”进行搜索，百度百科关于辐射有非常详细的解说，我归纳后总结如下。

辐射，实意指热、光、声和电磁波等物质向四周传播的一种状态；虚意指从中心向各个方向沿直线延伸的特性。在本文中涉及的主要是向四周传播的电磁波。自然界中的一切物体，只要温度在绝对温度零度以上，都以电磁波的形式时刻不停地向外传送热量，称为辐射能，而物质在辐射电磁波的同时，也会吸收其他物体辐射出的电磁波。电磁波的波谱范围很广，包括红外、紫外和可见光区。

辐射可分为电离辐射和非电离辐射。电离辐射能足够高，可以将原子电离， $\alpha$ 、 $\beta$ 、 $\gamma$  辐射及中子辐射均可以加速至足够高能量电离原子。细胞

是由许多个原子组成，因此电离辐射有可能使细胞癌变。非电离辐射的辐射能较弱，不会电离物质，但会改变分子或原子的旋转、振动或价层电子轨态，不同的非电离辐射可产生不同的生物学作用。

一般来说，雷达系统、广播发射系统、射频及微波医疗设备、各种电加工设备、大型电力发电站、输变电设备、高压及超高压输电线、地铁列车以及大多数家用电器等都是可以产生各种形式、不同频率、不同强度的电磁辐射源。近区场的电磁场强度随距离的变化比较快，其电磁场强度比远区场大得多；远区场电磁场强度均较小。从这个角度上说，电磁防护的重点应该在近区场。电磁辐射的强度可以用仪器检测出来。根据国际辐射防护协会和国际劳工组织的规定，电磁场的安全强度是  $0.2\text{--}0.4\ \mu\text{T}$ （微特拉）（这是 24 小时接触计算机时的电磁场安全限），低于此强度对人体没有危害。具体的对于台式电脑来说，主机前面是  $0.17\ \mu\text{T}$ ，但主机操作面板中央辐射略强，距离

0.03 米,  $0.26 \mu\text{T}$ ; 主机侧面  $0.29 \mu\text{T}$ ; 后面  $0.46 \mu\text{T}$ , 但我们一般离主机后面都有一定距离, 所以影响不大; 开机瞬间、待机状态都是  $0.17 \mu\text{T}$ , 电源接线再接通状态下的辐射是  $0.47 \mu\text{T}$ , 所以, 使用台式电脑时也要保持距离; 台式电脑的低音炮音箱的辐射较强, 使用时至少要保持半米的距离。对于笔记本电脑来说, 显示屏前 0.1 米  $0.13 \mu\text{T}$ , 键盘上方  $0.19 \mu\text{T}$ , 电源适配器  $0.22 \mu\text{T}$ ; 笔记本键盘辐射稍强, 电源适配器最大。还有普通鼠标  $0.1 \mu\text{T}$ , 普通键盘  $0.11 \mu\text{T}$ , 无线鼠标  $0.53 \mu\text{T}$ , 无线键盘  $0.96 \mu\text{T}$ 。

从以上数据可看出, 虽然强的电磁辐射对人体会造成伤害, 但在我们正常使用电脑时, 其辐射强度几乎都在安全范围内, 所以我们没有必要专门去防辐射。当然, 不论大小还是会有辐射产生, 所以有人用仙人掌来防辐射。可是, 我搜索发现, 结果也不是这样的。首先, 辐射线是一种直线行进的能量波, 目前没有任何物质可以使辐射线转弯, “吸收”辐射线的说法显然也不准确, 应该改成“抵挡”。其次, 目前还没有哪项研究报告曾经论证, 仙人掌吸收辐射线的能力比其他植物优异。因此, 在电脑旁摆一盆仙人掌以便吸收辐射, 减少对身体的伤害, 完全是推断出来的, 并没有科学依据。

不过, 电脑前摆一盆仙人掌不能抵挡辐射线, 但绿油油的色彩能够舒缓眼

睛的疲劳, 让精神放松, 对整天费眼又劳神的电脑族, 倒不失为“养眼”的好办法。虽然无法消除辐射, 但我们可以通过增强人体自身免疫力来减少辐射对人体的伤害。另外, 电磁辐射具有“累积效应”, 在电脑前端坐时间不可太长, 应经常走动, 这样对健康有利。

而仙人掌是否可以更多地吸收辐射, 则依赖于设计实验来证实。

从以上探索过程可以看出, 如果我们对生活中的现象感到疑问, 通过网络很有可能找到满意的答案, 在这个过程中, 我们会得到对事物较真实的认识, 所以我们应该对世界保持一颗好奇心, 并乐于进一步探索。网络的发达、信息的丰富使我们能更容易地找到答案, 如果找不到, 那也许就是我们揭示真理的苹果。科学就在身边, 只要我们愿意去发现。

