合成生物学是从最基本的要素开始一步步建立零部件，以一些特性良好的通用部件为起点，这些通用部件简单、稳定，要么由天然成分衍变而来，要么完全由人工设计。与基因工程把一个物种的基因延续、改变并转移至另一物种的做法不同，合成生物学的最终目标是组装基本生物部件，设计性质可预测的有用生物系统，并不断提高其复杂性，让它们按电路方式运行。设计复杂生物系统是合成生物学的中心法则，这需要全面了解各个部件及其之间的相互作用，这也为修改部件和可靠预测系统行为提供了机会。

合成生物学亦与机械工程有相似性，标准化的机械零部件，其大小、形状和材料经过改进并组装后就可以执行预定功能。机械系统的特性由基本原理衍生出来，其行为也能够进行模拟。现在人们可以突破生物界限无限制地设计生物部件，所以，有理由相信这种模式在合成生物学上也是可行的。

合成生物学就是要改变过去的单基因转移技术，制造综合集成的基因链乃至进行整个基因组蓝图设计，最终实现人工生物系统的制造。

合成生物学，显然开创了对转基因动物从单基因研究到系统生物工程多基因研究的转型，也显然找到了遗传工程与纳米生物技术、仿生工程的结合点。

五 图像自动识别系统

借助图像自动识别系统（Automated imaging），人们能对显微镜下的图像进行定量分析，并拓展显微镜的用途。

自从显微镜诞生以来，它就一直是科学家进行科学研究的得力助手。不过，显微镜图像一直只能算是一个描述性的结果，不能进行定量分析，而且进行显微镜观察是一项非常费时、费力的工作，这些缺陷一直阻碍着显微镜的广泛应用。

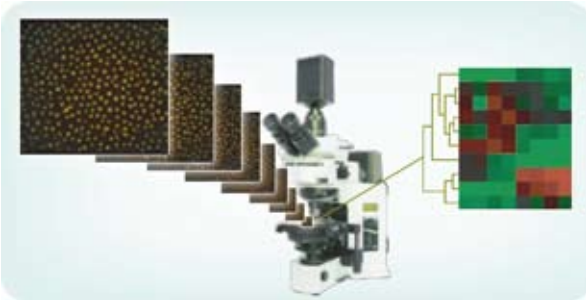
当Antonie van Leeuwenhoek在15世纪60年代第一次使用他自制的显微镜观察到微生物的时候，当Santiago Ramón y Cajal在200多年前第一次观察到神经系统结构的时候，他们都已经花费了很长的时间来进行观察工作，同时还需要花费很长时间将镜下的一切描绘到纸上。今天，科学家使用比当年先进得多的显微镜以及电荷耦合照相机（CCD camera）就能马上获得比当年清晰得多的图像，但是对于大多数的生物学家来说，他们使用显微镜还是只能通过大量的镜下观察来得到一个描述性的图像结果而已。

不过现在，借助计算机技术以及各种复杂的算法，显微镜可以有更多、更大的作为了。如今，已经发展到使用计算机来控制显微镜进行大部分的图像采集工作，显微镜下的图像结果不仅仅是描述性的，还可以通过计算机的运算对图像结果进行定量分析。这一切进步都是以往单单使用肉眼进行观察所无法比拟的。

现在，这些技术已经投入到科研实际应用当中

技术类别	优点
自动图像采集系统	●可对培养的细胞或器官进行大范围自动扫描和筛查 ●可发现以往肉眼观察不到的微小现象
图像分析技术	可同时分析成百上千个细胞、自动发现、辨认以及跟踪目标细胞

即使对于那些目前还不能进行自动化分析的项目，例如在体内或体外试验中分析大量细胞中的基因表达水平，如果能够进行自动化分析，也将大大提高检测的效率和定量分析的准确度。



图片说明：同时对大量细胞进行自动图像采集，然后使用计算机对结果进行分析，这样就可以对细胞表型进行定量的评价了。

图片来源：*Nature Methods*

自动图像采集技术需要一系列相关技术协同作用才能成功。例如，需要使用合适的算法、需要选择合适的结果分析方式等等。虽然这些技术正在逐渐被大家所了解和使用，但目前还只是刚刚开始，还不成熟，还需要进一步的改进，才能满足更多科研人员的实际需要。对于自动图像采集技术的新老用户来说，在使用的时候都要小心仔细地进行操作和分析，不过相比该技术所可能带来的令人激动的成果而言，这样的谨慎还是相当值得的。

原文检索：*Nature Mehtods* Published online: 17 December 2008; doi: 10.1038/ Nmeth.f. 238

筱玥/编译

六 定量质谱检测技术

现在，大量使用基于定量质谱检测技术的蛋白质组学研究方法来研究生物问题正变得越来越常见了。

使用质谱技术来检测蛋白质已经成为了一种常规方法，并且正越来越多地应用于蛋白质组学研究当中。但是要真正了解复杂生物体的生物学情况，还需要有关蛋白质表达水平方面的资料。不幸的是，传统的质谱检测技术还不具备定量的能力。

因此，在过去的10年间，从事蛋白质组学研究的科研工作者发明了一系列的稳定同位素标记策略（stable-isotope labeling strategy），希望藉此获取定量信息。

设计一系列稳定同位素标记策略的目的是

- 定量检测基因敲除、抑制剂或者环境因素等对蛋白质组造成的影响
- 定量比较两种疾病给蛋白质组带来的差异
- 了解某种大分子复合物中某些蛋白质的化学计量学数据
- 监测蛋白质组在一段时间之内的变化情况等等

同时，检测设备和生物信息学方面最近取得的进展也使得定量质谱检测技术成为了可能。仅就去年一年，就有好几项值得人们注意的蛋白质组学研究成果发表，尤其值得关注的是使用由Matthias Mann小组在