

## 外交翻译官

1998年，当Todd Taylor从美国迁居日本时，还是一名非常抢手的分子遗传学家。不过后来他抓住了一次机会，成为了日本横滨RIKEN基因组研究中心（该中心是日本为了参与人类基因组计划而专门新建的）里的一名生物信息学家。此后，Taylor就开始了几近疯狂的研究工作。

RIKEN中心与另外一间日本科研机构以及两队德国科研团体一起，主要展开对人类第21号染色体的研究工作。很快，Taylor就发现他成为了中心里对外交流的英语“外交官”。他可以在国际会议上用英语发言交流，甚至有时还会处理一些比较棘手的“国际问题”。

随后，他们又得到了新的任务，开始对人类第11号染色体和第18号染色体开展测序工作，Taylor还发表了两篇《自然》（*Nature*）的论文。”

Taylor现在已经是一名非常知名的生物信息学家了。目前他供职于RIKEN高级科学研究所（RIKEN Advanced Science Institute），即以前的RIKEN基因组研究中心。Taylor的团队从以前的70人精简到现在的20人，他们现在的主要工作之一就是与国际人类微生物组协会（International Human Microbiome Consortium）合作，开发一套分析软件，专门对寄生于健康日本人体内消化道中的微生物进行分析。不过Taylor认为这样的一些国际合作都没法与人类基因组计划相提并论。他认为人类基因组计划是一名科学家一辈子只能遇到一次的机遇，绝对不容错过。仅仅用“我们都希望能够再次合作”这样的字眼，是不足以表达我的心情的一——事实上，我简直是迫不及待地想要抓住这个难得的机会！

原文检索：

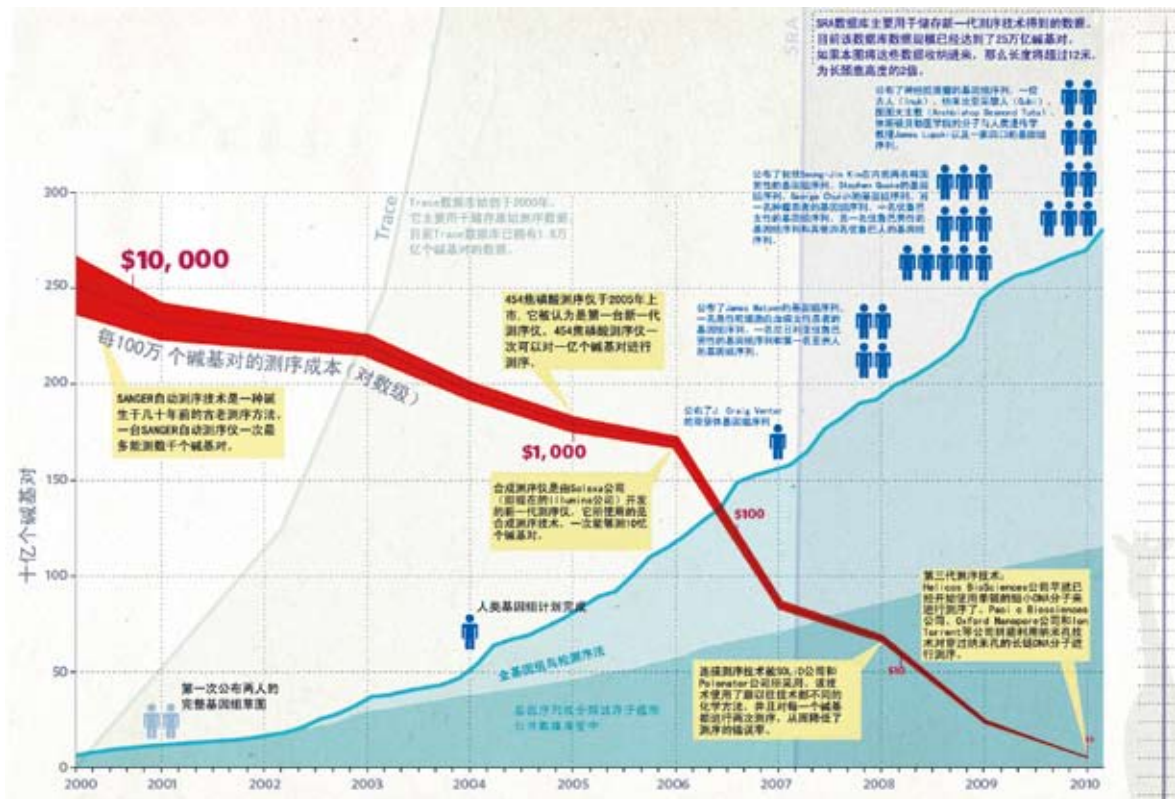
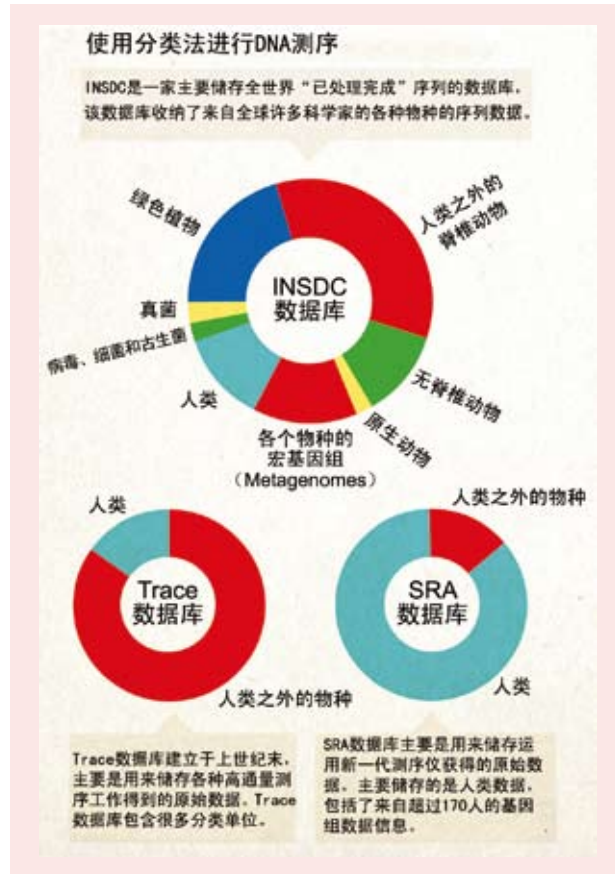
Alison Abbott. (2010) THE HUMAN RACE. *Nature*, 464:668-669.

 筱玥/编译

三、

## 基因组测序技术发展史

2000年，当研究人员宣布成功获得第一份人类基因组草图时，世界三大主要数据库，即美国生物技术信息中心（US National Center for Biotechnology Information）的GenBank数据库、欧洲分子生物学实验室（European Molecular Biology Laboratory, EMBL）的核酸序列数据库和日本DNA Databank数据库内储存的基因序列数已经达到了80亿个碱基对。这三大数据库会定期将它们的数据与国际核酸序列数据库协作体（International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC）共享。在这之后，即后基因组时代的第一个十年里，又增加了2,700亿碱基对的基因序列数据，几乎是每18个月，数据库里的数据规模就会增加一倍。不过这与全世界科研人员们发现、进行过分类并储存在Trace archive和Sequence Read Archive（SRA）数据库中的原始DNA序列数据比起来只能算是小巫见大巫。



## 人类基因组到底有多少？

上图展示的是自2000年以来已经公开发表过的以及进行过完整测序的人类基因组测序结果。图中还包括了2010年第一季度刚刚公布的9个人的测序结果。有一些结果是对同一人进行再次测序得到的。上图并未包括未公布的完整基因组测序结果。

原文检索：(2010) THE SEQUENCE EXPLOSION. *Nature*, 464:671.



附表：基因组测序技术发展简史

基因组测序技术发展简史	论文阅读
深圳华大基因研究院领导的国际研究小组领衔绘制出“蒙古人”的第一张基因组测序图谱。	
西南大学、深圳华大基因研究院带领的国际研究团队完成了29种家蚕和11种野蚕世系的基因组的测序工作，并找到了这些世系之间的差别。这是多细胞真核生物大规模重测序研究的首次报道；他们绘制完成了世界上第一张基因组水平上的蚕类单碱基遗传变异图谱，这是世界上首次报道的昆虫基因组变异图。科学家还发现了驯化对家蚕生物学影响的基因组印记，从而从全基因组水平上揭示了家蚕的起源进化。	Qingyou Xia, Yiran Guo, Ze Zhang, et al.. (2009) Complete Resequencing of 40 Genomes Reveals Domestication Events and Genes in Silkworm ( <i>Bombyx</i> ). <i>Science</i> , Published Online August 27, 2009.
国内研究人员成功测定了北京奥运会的吉祥物动物代表——大熊猫“晶晶”的基因组。这项序列测定工作使得科学家第一次全面掌握了大熊猫的基因资源，对在分子水平上保护大熊猫具有重要意义。	Hongmei Zhu, Lin He, Jing Cai, et al.. (2010) The sequence and de novo assembly of the giant panda genome. <i>Nature</i> , 463: 311-317.
研究人员完成了玉米自交系B73的基因组序列的测定工作，这将有助于植物栽培人员用更少的化肥获取营养含量更高的作物。	Patrick S. Schnable, Doreen Ware, Robert S. Fulton, et al.. (2009) The B73 Maize Genome: Complexity, Diversity, and Dynamics. <i>Science</i> , 326(5956): 1112-1115.
韩国首尔大学基因医学研究所徐延璋等研究人员成功绘制出中、日、韩三国人种超高清基因拷贝数变异图谱，并从中发现亚洲人独有的基因拷贝数变异共有3500多个。	Copy number variations in East-Asian population and their evolutionary and functional implications. <i>Human Molecular Genetics</i> , 19(6): 1001-1008.
美国、英国和德国等研究人员完成对别称为“珍珠鸟”的斑胸草雀的基因组的测序工作。测序结果将有助于研究人类语言的基因基础。	Wesley C. Warren, David F. Clayton, Hans Ellegren, et al.. (2010) The genome of a songbird. <i>Nature</i> , 464: 757-762.
法国、意大利和德国的研究人员成功破译黑松露基因组。黑松露基因组是迄今最大的菌类基因组，它由7500个基因组成，其中6000个基因与其它菌类共享。此外，研究人员还分析了剩余的1500个黑松露特有的基因，获得了许多重要信息，从而揭开了这种块菌的神秘面纱。	Francis Martin, Annegret Kohler, Claude Murat, et al.. (2010) Périgord black truffle genome uncovers evolutionary origins and mechanisms of symbiosis. <i>Nature</i> , Published online 28 March 2010.
一个国际研究小组完成了水螅基因组的测定工作。水螅基因数目与人类基因数目相似，两者有许多相同的基因。水螅有望成为研究亨廷顿舞蹈症以及阿尔茨海默氏症相关基因的疾病模型。	Jarrold A. Chapman, Ewen F. Kirkness, Oleg Simakov, et al.. (2010) The dynamic genome of <i>Hydra</i> . <i>Nature</i> , Published online 14 March 2010.

<p>美研究人员一对夫妻和他们的两个孩子进行了全基因组测序。这两个孩子都患有米勒综合征（一种罕见的颅面发育紊乱）和原发性纤毛运动障碍（一种肺病），这两种疾病都是常染色体隐性遗传病。这项测序工作有助于研究人员更精确地锁定与米勒综合征相关的4个基因。</p>	<p>Jared C. Roach, Gustavo Glusman, Arian F. A. Smit, et al.. Analysis of Genetic Inheritance in a Family Quartet by Whole-Genome Sequencing. <i>Science</i>, Published Online March 10, 2010.</p>
<p>国际蚜虫基因组联盟成功地对农业害虫“蚜虫”进行了基因组测序。有了蚜虫的基因信息，研究人员将有望开发出防治蚜虫的有效方法。</p>	<p>The International Aphid Genomics Consortium. (2010) Genome Sequence of the Pea Aphid <i>Acyrtosiphon pisum</i>. <i>PLoS Biology</i>, 8(2): 1-24.</p>
<p>研究人员已经破解了青蒿（<i>Artemisia annua</i>）这种植物的遗传密码，该植物可产生出一种用来抗疟疾的天然物质。研究人员说，这一基因图谱可在将来为人们带来更多抗疟药的储备。</p>	<p>Ian A. Graham, Katrin Besser, Susan Blumer, et al.. (2010) The Genetic Map of <i>Artemisia annua</i> L. Identifies Loci Affecting Yield of the Antimalarial Drug Artemisinin. <i>Science</i>, 327(5963): 328-331.</p>
<p>一个大型科研联合体完成了对三种寄生性金小蜂的基因组进行的序列测定工作。金小蜂是研究遗传学的重要生物模型，对它基因组信息的研究工作，将有助于控制许多重要农作物害虫以及传播疾病的昆虫。此外，金小蜂还可能对甲基化研究有帮助。</p>	<p>John H. Werren,1,* Stephen Richards,2,* Christopher A. Desjardins,1 et al.. (2010) Functional and Evolutionary Insights from the Genomes of Three Parasitoid <i>Nasonia</i> Species. <i>Science</i>, 327(5963): 343-348.</p>
<p>爱尔兰和英国的科学家利用6700年前的古代野牛的前肢骨骼样本成功地测序出完整的线粒体DNA基因组序列。这不仅对考古学家有重要影响，还对现代畜牧业具有十分重要的意义。</p>	<p>Ceiridwen J. Edwards, David A. Magee, Stephen D. E. Park, et al.. (2010) A Complete Mitochondrial Genome Sequence from a Mesolithic Wild Aurochs (<i>Bos primigenius</i>). <i>PLoS ONE</i>, 5(2): 1-13.</p>
<p>研究人员利用大规模并行配对端焦磷酸测序技术确定了完整的固氮“藻青菌”UCYN-A基因组。</p>	<p>H. James Tripp<sup>1</sup>, Shellie R. Bench<sup>1</sup>, Kendra A. Turk<sup>1</sup>, et al.. (2010) Metabolic streamlining in an open-ocean nitrogen-fixing cyanobacterium. <i>Nature</i>, 464(7285): 90-94.</p>
<p>研究人员完成了二穗短柄草基因组的测序工作。该基因组序列的获得有望将易于培育、适于基因操纵的二穗短柄草确立为开发新能源作物和粮食作物的模型。</p>	<p>International Brachypodium Initiative. (2010) Genome sequencing and analysis of the model grass <i>Brachypodium distachyon</i>. <i>Nature</i>, 463(7282): 763-768.</p>
<p>美国加州大学洛杉矶分校琼森综合癌症研究中心的科学家首次完成了脑癌细胞系全基因组的测序工作。这是至今对单个癌症细胞系所做的最为彻底的测序分析。</p>	<p>Michael James Clark<sup>1</sup>, Nils Homer, Brian D. O'Connor, et al.. (2010) U87MG Decoded: The Genomic Sequence of a Cytogenetically Aberrant Human Cancer Cell Line. <i>PLoS Genetics</i>, 6(1): 1-16.</p>
<p>内蒙古农业大学“乳品生物技术与工程”教育部重点实验室成功绘制了益生菌<i>B. animalis</i> V9全基因组图谱。这项工作将有助于进一步研究菌株的益生作用和安全性能。此外，它还对菌株的产业化提供了极其有力的科学保证。</p>	
<p>牡蛎基因组计划（Oyster Genome Project, OGP）项目组宣布，历时两年的牡蛎基因组序列图谱终于绘制完成。这是世界上第一张养殖贝类的全基因组序列图谱，标志着基于短序列的高杂合度基因组拼接和组装HYPERLINK "javascript:;\" \t \"_self"技术获得了重大突破。据悉，目前的基因组图谱已达到国际领先的基因组图谱标准。</p>	