

·半月国内科技要闻·

首次从两栖动物分泌液中发现基因编码的神经毒素(图)



图片来源:中国数字科技馆

中国科学院昆明动物研究所赖仞、中国科学院上海药物研究所林东海、湖南师范大学梁永平等研究团队通过合作,从华西雨蛙皮肤分泌液中发现基因编码的神经毒,将其命名为 Anntoxin (*J Biol Chem*, 2009, 284 (33): 22079-22086)。这是科学家首次从两栖动物中发现基因编码的神经毒。

从华西雨蛙中发现的该毒素含有 60 个氨基酸残基、拥有 2 个分子内二硫键、通过阻断河豚毒素敏感的钠通道发挥神经毒活性。该毒素主要分布于华西雨蛙皮肤,其含量高达 25 微克/克皮肤湿组织,对昆虫、爬行类、鸟类和哺乳类动物具有强的致死毒性,与眼镜蛇毒来源的神经毒有显著的结构同源性,也表现出部分生物活性的相似性,这些结构和功能的相似性暗示了动物毒素的一种可能的进化联系。

《科技日报》[2009-08-21]

气候-碳循环关系模型现关键证据

气候变化与陆地生态系统反馈关系的模拟和预测存在很大的不确定性。采用平均温带为气候驱动因子的模型包括了两种潜在假设:一是均匀的白天和夜间增温幅度;二是全天增温的效应等于白天和夜间的增温效应之和。第一种假设已经被否定,如今,第二种假设被中国科学院植物研究所万师强课题组否定 (*Nature*, 2009, 460: 783)。

研究人员在内蒙古典型温带草原经过 3 年的实验和对土壤呼吸的测定发现:不论是对土壤呼吸代表的碳释放还是总生态系统生产力代表的碳吸收而言,全天增温的效应均小于白天和夜间的增温效应之和。该结果说明,不能利用全天增温的效应来预测自然条件下发生的昼夜不

对称增温对陆地生态系统碳循环的影响,从而否定了利用平均温度作为气候驱动因子的模型中的第二种假设;同时为改进和完善气候变化-碳循环反馈关系的模型模拟和预测提供了直接、关键的实验证据和参数估计。

《科学时报》[2009-08-24]

抗疟疾药物研究获新进展

中国科学院上海药物研究所蒋华良课题组与华东理工大学药学院李洪林、李剑和德国吕贝克大学 Rolf Hilgenfeld 等继续合作解析出恶性疟原虫半胱氨酸蛋白酶 falcipain-2 的晶体结构后,综合运用计算药物设计、药物化学和分子生物学方法和技术,发现了 20 余个活性及多样性较好的 falcipain-2 非肽类小分子抑制剂 (*Journal of Medicinal Chemistry*, 2009, 52: 4936-4940)。

疟原虫对多种一线和二线抗疟药物抗性不断产生,因此,根据疟原虫基因组研究结果,发现针对新靶标和新作用机制的抗疟药物具有重要的现实意义。falcipain-2 可通过水解血红蛋白及红细胞膜骨架蛋白促使宿主细胞破裂而释放出成熟的裂殖体,被认为是新的潜在抗疟药物筛选的靶标分子。蒋华良等的合作研究结果为发现具有新作用机制的抗疟新药奠定了基础。

《科学时报》[2009-08-27]

细胞防止癌变的内在机制被揭示

厦门大学生命科学院林圣彩课题组的一项研究表明,存在于细胞内的一种名为 Axin 的蛋白分子可以通过控制一种名为 p53 的抑癌基因的活性来决定细胞“命运” (*Nature Cell Biology*, doi: 10.1038/ncb1927)。

p53 是目前人类发现的一种最主要的抑癌基因,它能在不同的外界刺激下,启动不同的程序,从而抑制癌症的发生。即当 DNA 受到不可修复的损伤时,p53 通过启动让细胞凋亡的程序,促使细胞死亡;当 DNA 受到损伤比较弱时,p53 便启动细胞周期阻滞程序,阻止细胞分裂,再对受损 DNA 进行修复,从而防止有缺陷的遗传物质传递到子代细胞。

p53 为什么能够感受到外界不同的刺激从而启动不同的程序?研究人员发现,细胞内一种名为 Axin 的蛋白分子和 p53 的

活动机制有着密切的关系,它可以通过形成不同的多蛋白复合体来控制 p53 的作用方式,从而让细胞有不同的“未来”。

《科技日报》[2009-08-28]

家蚕基因组研究领域获重要成果

由西南大学 Xiang Zhonghuai、深圳华大基因研究院带领的国际研究团队合作,成功获得 40 个家蚕突变品系和中国野桑蚕的全基因组序列,共获得 632.5 亿对碱基序列,覆盖了 99.8% 的基因组区域,绘制完成首张基因组水平上的蚕类单碱基遗传变异图谱,从全基因组水平上揭示了家蚕的起源进化,并发现了驯化对家蚕生物学影响的基因组印记。 (*Science*, doi:10.1126/science.1176620)。

桑蚕大规模基因组重测序和遗传变异图谱构建的完成,有助于从全基因组范围研究驯化和人工选择对家蚕生物学的影响,阐释家蚕及野桑蚕之间生物学差异的遗传基础,发现的基因组印记对家蚕重要优势经济性状相关基因克隆及其形成机制的研究至关重要。

《光明日报》[2009-08-29]

首次直接测量人类的进化速率

从猿到人,人类在以什么样的步伐速率进化?由英国韦尔科姆基金会桑格研究所、中国人民解放军总医院、深圳华大基因研究院等机构合作完成一项研究为此问题给出了答案。他们已成功直接测量出人类基因中核苷酸的突变率 (*Current Biology*, 2009, doi:10.1016/j.cub.2009.07.032)。

男性特有的 Y 染色体中大部分 DNA 片段都只是父子相传,不会融合母系基因,变化完全归于核苷酸突变。薛雅丽等对中国江西省一个偏僻小村庄里的大家族中的两名男性的 1 000 多万个核苷酸进行了对比,这两名男性在 13 代以前是同一个祖先,结果发现 12 处不同,但其中 8 处是在体外细胞培养时产生的。因此,经过 13 代人的累积,在这 1 000 多万个核苷酸中仅有 4 个真正的突变。由此可以推算出,每代每 3 000 万个核苷酸中会产生 1 个突变,即每个人身上有约 200 个新产生的核苷酸突变。

《科技日报》[2009-08-30]

(本栏目稿件欢迎各研究组

推荐或自荐)

(责任编辑 代丽)