

热点追踪

对比人类基因 探秘材料基因

——人类基因组计划对材料基因组计划的启发

李楠楠, 沈一笋, 臧亮, 闫宗楷, 向勇*

(宁波国际材料基因工程研究院, 浙江 宁波 315000)

“材料基因组计划”中的基因一词引用了“人类基因组计划”(Human Genome Project, HGP)中基因的概念。在人类基因组中,基因是具有遗传效应的 DNA 或 RNA 片段,支持着生命的基本构造和性能,是决定生命健康的内在因素。DNA 由腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶和胸腺嘧啶 4 种碱基通过两两配对形成双螺旋结构,碱基对不同的组成序列决定了基因中所携带的不同的遗传信息,从而决定生命体的不同机能。因此人类基因组计划的核心是利用第一代基因测序技术,检测人体约 2.5 万个基因中 30 亿个碱基对组成的核苷酸序列,明确所有基因的结构和功能。从而探寻碱基对组成-碱基对序列-人类生命现象的内在规律,为疾病的预防和诊治提供科学依据,更好地认识和保护生命体。

人类基因组计划最早也是由美国能源部于 1985 年提出草案,于 1990 年 10 月正式启动。该计划由美国、德国、日本、英国、法国和中国 6 个国家的多个研究机构共同参与实施,融合了分子生物学、化学、物理学、机器人技术和计算科学等多个学科的知识,打破了研究学者独自探索并解决科学问题的传统格局,开启了协同创新科学探索的新途径。历经多年的努力,于 2003 年以 99.99% 的精度提前两年完成人类基因组测序工作。人类基因组计划一反“假说推动研究”的传统规则,搜集人类基因数据,成功建立起一个全球共享的人类基因组数据库,通过共享数据促进生命科学的快速发展,揭秘生命起源奥秘。

人类基因组计划的成功实施为材料基因组计划提供了宝贵的经验:①人类基因组计划所使用的基因测序工具是第一代基因测序技术,效率低,此后发展出的高通量测序技术可加快基因测序效率,并大大降低成本;②六国科学家通过多学科、多领域及多部门的积极合作,实现协同创新;③人类基因组计划中的数据分析效率低下,为获得每条染色体的连续序列,第一个人类基因组序列是将零碎产生的上千个单独序列片段(每个约 100~300 个碱基)通过计算拼接而成,这严重阻碍了人类基因组计划的推进。

借鉴人类基因组计划,认为材料基因组计划的发展应当从以下几个方面做出努力:①开发高通量制备及表

征技术,利用高通量的实验手段,加速材料研发进程;②整合全球力量,覆盖适用于不同材料类型的实验装备和数据平台,建立材料科学协同创新网络,实现“云研发、云集成、云创新”的先进理念;③构建材料基因大数据库,并形成计算仿真、定制实验,提高实验靶向性,从而促进新材料研发与应用的进程。



此外,我们还应当充分认识到材料基因组与人类基因组的区别,人与人之间基因相似度为 99.9%,基因的结构是明确的双螺旋结构,只是基因序列上存在碱基对的排列差异,从而导致人与人之间的不同。而材料的微观结构更加多样化,不但成分组成可以不同,微观形貌等结构也可能千差万别,其组成-结构-性能之间的关系更加复杂。为此应当将先进的材料研发技术与更多元的高通量制备和表征装备相结合,打破传统研发模式,为材料基因组计划的实施提供强大的技术支持与装备保障。

在中国材料基因组计划大力发展的趋势下,宁波国际材料基因工程研究院于 2015 年 8 月成立。研究院汇聚国际材料基因芯片技术发明人与多名国家材料基因组计划重大咨询项目专家组成员,完美结合材料基因芯片技术与高通量制备和表征装备,通过技术、机制、模式的创新,为中国材料基因组计划的实施不懈努力。

(通讯作者:向勇,男,1977 年生,教授,宁波国际材料基因工程研究院院长,Email: jinl@ mgi. org. cn)