染色质三维结构研究推介——“一碟前菜”

于军^{1,2}

1. 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, 北京 100101;

2. 中国科学院大学, 北京 100049

联系人, E-mail: junyu@big.ac.cn

收稿日期: 2020-04-13; 网络版发表日期: 2020-04-30

本期我们组织了6篇有领域代表性和写作特色的综述文章, 来“大写意”般地集中勾勒“染色质三维结构”这个近年来进展迅速、颇受关注的领域。尽管文章数量不多, 却也有“包罗万象”之意: 有“如数家珍”式的研究要素介绍^[1], 有“纵览全局”式的最新研究进展描述^[2], 有“抽丝剥茧”般的“工具箱”揭底^[3], 还有“一竿子插到底”的实际应用举例, 包括生物医学领域的应用^[4]和专业研究领域的理论问题^[5]。此外, 我们还提供了更宏观的“提纲挈领”式综述, 指出这个具体领域在目前科学前沿研究中的地位、发展方向, 以及对未来生命科学发展的贡献^[6]。

科学界对染色质(体)的认知首先是从它的信息性质开始的, 拉马克和达尔文提出了可以表征“遗传”的现象和猜想, 孟德尔、摩尔根等人发现了“基因”遗传给后代的简单而基本的规律。它的物质性质是后来的弗莱明等人在细胞中找到的具体表征“遗传”的“基因载体”——染色质。再后来就是DNA结构和各个物种基因组序列的发现, 两者殊途同归、合二为一。因此, 染色质结构的研究(以物质性质为出发点)与其所承载的基因组信息研究(以信息性质为出发点)两者的目的

是一致的, 只是出发点不同而已。实际上, 这就如“两只打洞的老鼠”(没有不敬之意), 实验科学家从山的这一侧开始“打洞”, 信息科学家从山的另一侧开始“打洞”, 大家“打洞”的目标一致时, 结果就是事半功倍; 如果打“抄手了”, 方向没对准, 那就要事倍功半了。

其实, 我们对生命本身的认识和对宇宙万物——包括宇宙本身——的认识都是一样的。假定问题复杂性的存在和复杂性的多层次、多维度性质, 再运用解释时间空间(时空)性质的原理, 亦或机械和化学(机化)性质的原理, 更多的是两者结合, 来引导和推动科学研究, 这就是认知过程为什么是循序渐进, 而不是一蹴而就。“欲速则不达”, 促进这个过程最好的“发酵剂”就是集思广益、百家争鸣, 让各个学科的科学们都来参与讨论和研究, 提出有共性的问题, 共同思考和探究问题的内涵、本质和来自各个角度的解决方案。科学最危险的敌人是不可知论和善意的误导, 前者常常会阻挡整个队伍前进的道路, 后者常常会将初来者引入歧途, 而扫清这些障碍的策略就是开诚布公、心平气和、深入浅出地表述和探讨。希望读者们能够喜欢我们的精心呈现。

引用格式: 于军. 染色质三维结构研究推介——“一碟前菜”. 中国科学: 生命科学, 2020, 50: 463–464

Yu J. A dish of appetizer for the 3-D chromatin structure banquet (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2020, 50: 463–464, doi: [10.1360/SSV-2020-0137](https://doi.org/10.1360/SSV-2020-0137)

参考文献

- 1 Fan Y X, Hang X Y, He X M. The impact factors of 3D genome organization (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 465–483 [樊逸仙, 杭晓弈, 何西淼. 影响染色体三维结构的主要因素及其研究进展. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 465–483]
- 2 Zhang L, Li P C, Zhao J T, et al. Research progress on the three-dimensional structure of genome (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 484–496 [章乐, 李鹏超, 赵竞天, 等. 基因组三维结构研究进展. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 484–496]
- 3 Lin D, Zhang S H, Zhang Z H, et al. The “toolbox” for chromatin conformation capture (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 497–505 [林达, 张斯烜, 张智慧, 等. 探索染色质三维构象的“工具箱”研究进展. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 497–505]
- 4 Liu C, Zhang Z H. Identification of genomic structure variation based on Hi-C technology and its application in tumor research (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 506–523 [刘聪, 张治华. 基于Hi-C技术识别基因组结构变异及其在肿瘤研究中的应用. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 506–523]
- 5 Wang Z Y, Wang X Y. Evolutionary genomics model of chromosome number reduction and B chromosome production (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 524–537 [王振怡, 王希胤. 染色体数目减少及B染色体产生的进化基因组学模型. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 524–537]
- 6 Yu J. Multi-dimensional genomics information: origin, context, and technical bottlenecks (in Chinese). *Sci Sin Vitae*, 2020, 50: 538–548 [于军. 多维度基因组信息: 起源、内涵与技术瓶颈. *中国科学: 生命科学*, 2020, 50: 538–548]

于军, 中国科学院特聘研究员, 中国科学院大学教授, 北京基因组研究所基因组科学与信息重点实验室博士生导师。1956年出生于辽宁, 1983年毕业于吉林大学化学系生物化学专业, 同年在中国科学院生物物理研究所读研并获得CUSBEA奖学金, 次年赴美国纽约大学(New York University)医学院攻读生物医学博士, 师从生化与细胞生物学家孙同天(Tung-Tien Sun)教授, 从事表皮细胞分化分子生物学研究。1990年毕业获得AFUD博士研究者奖, 留校任研究助理教授。1993~1998年加入华盛顿大学(西雅图)基因组科学系Maynard V. Olson教授主持的人类基因组研究中心, 参与国际人类基因组计划, 创建“多酶全消化基因组物理图谱制作法”, 从事规模化人类基因组物理图谱制作、基因测序和生物信息数据分析。1998年回国, 先后主创中国科学院遗传研究所(现中国科学院遗传与发育生物学研究所)“人类基因组中心”、华大基因(BGI)、北京基因组研究所(BIG)等, 现任*Genomics, Proteomics and Bioinformatics*主编。策划并参与主持了国际人类基因组计划(中国部分)、超级杂交水稻、家蚕、枣椰、鲤鱼、朱鹮等动植物基因组研究计划, 主持了国家重大科学研究计划“小型猪和小鼠等医学实验哺乳动物模型建立与基础数据集成”和“以细胞为单元的人类基因转录组与蛋白质组的关联性研究”。研究方向包括基因组学、生物信息学和精准医学仪器设备研发。迄今已在同行评议科学期刊发表科学论文逾350篇。曾获全美泌尿学会博士学者奖(1990年)、香港求是科技基金会“求是杰出科技成就奖”(2002年)、中国科学院杰出科技成就奖(2003年)、第三世界科学院农业科学贡献奖(TWAS, 2012年)等。