利用转座子筛选癌基因的研究以及各界物种基因组核苷酸组成的概览

The utility of transposon mutagenesis for cancer studies & an overview on the genomic nucleotide composition across kingdoms

基因组测序揭示了癌症细胞中大量的突变，通过分析转座子插入来筛选出不同癌症的相关基因，这是非常行之有效的手段。在最近一项研究中，我们完成了该领域最大的一次筛选，共筛选了1100多个白血病细胞文库，测序获得6亿多对序列，构建了一个癌症相关基因的数据库，对其中一系列新的癌症相关候选基因进行功能研究，并初步揭示了它们的作用机制。

所有细胞基因组DNA都由A, T, G, C四种核苷酸构成，不同物种基因组的核苷酸比例却各不相同。基因组核苷酸组成一直是一个引人入胜的问题。在过去数十年的研究中，科学家们也总结出了一系列的规律。然而，这些研究多数是在前基因组时代做出来的，通常基于少数几个物种的不完整的基因组。近十年来，成百上千物种的基因组被测序，但目前还欠缺一个对来自不同界的物种基因组的概括性的研究。本次研究共考察了369个物种（包括动物、植物、真菌、原生生物和原核生物）的基因组，揭示了一些令人惊奇而有趣的现象，可以帮助人们建立一个对基因组核苷酸组成的概括性的认识。