

马骏院士入选七大顶级期刊中国学者百强排行榜

本报讯(通讯员/孟祥伟)3月7日,《七大顶级期刊中国学者排行榜》发布,该排行榜采用了全球学者库经过规范化处理的数据,对2014年至2023年间Cell、Nature、Science、NEJM、Lancet、JAMA以及BMJ七大期刊上发表的论文进行了详尽的统计分析,旨在为学术界和广大公众提

供公益性的公共信息服务,协助人们更好地了解特定学科领域的学术专家,并追踪该领域的研究前沿。

统计结果显示,中山大学肿瘤防治中心马骏院士位列中国学者排行榜第48位,发表论文6篇,总他引超2500次。从事鼻咽癌诊治工作38年来,马骏院士聚

焦高发于我国的鼻咽癌(占全球病例47%),针对全身微小转移灶是引起鼻咽癌转移复发的根源,开展甄别与清除全身微小转移灶的系列研究,提出了“吉西他滨联合顺铂(GP)全身化学治疗(化疗)可重塑以B细胞为核心的抗肿瘤免疫,有效清除全身微小转移灶”的“增效”理论,制定了“先

GP全身化疗,后局部放射治疗(放疗)”的新策略,大幅提高了晚期鼻咽癌患者的生存率;同时,提出“采用临床分期联合miRNA分子标签,甄选出极少发生微小转移灶的低危患者,可降低治疗强度”的“减毒”理论,制定了“豁免化疗及缩小放疗范围”的新方案,显著减少了化疗、

放疗的毒副作用,改善了生活质量。1998年至今,美国的鼻咽癌指南中诊疗路径和美国癌症联合会/国际抗癌联盟分期标准分别进行了6项和9项重大调整,其中各有5项是基于马骏院士的研究成果,实现了国际鼻咽癌的诊断和治疗由“美国方案”向“中国方案”的跨越。

贺雄雷课题组 开发估算祖先细胞群体 大小的算法 TarCA 用于 揭示早期细胞命运决定

本报讯(通讯员/熊丽娜)2月20日,中山大学生命科学学院贺雄雷课题组在Nature Methods上发表了一篇题为A statistical method for quantifying progenitor cells reveals incipient cell fate commitments的文章。该研究基于近年来逐渐成熟的细胞谱系追踪技术构建的发育细胞谱系树(developmental cell phylogeny),结合群体遗传学的经典溯祖理论(coalescent theory)思想,建立了一种估计祖先细胞群体大小的统计方法TarCA(targeting coalescent analysis),以此来研究胚胎发育过程中细胞群体的动态变化。

总的来说,TarCA算法可对任意细胞群体估计祖先细胞

数目,而无需事先获得祖细胞的先验信息,也能推算少数细胞中的驱动基因,以此来预测早期细胞命运的分化倾向。这些发现说明TarCA能促进包括人类在内的所有复杂生物组织的谱系多样性的量化,对其建立定量模型至关重要,可以帮助人们解决个体发育可塑性和衰老相关的组织功能退化的问题。这项工作经典进化生物学与现代细胞发育生物学融合的一个典范。

中山大学生命科学学院贺雄雷教授为该论文的通讯作者,课题组博士后邓善俊与博士毕业生龚晗为共同第一作者。该研究得到了国家重点研发计划与国家自然科学基金的资助。

周宇教授团队 发现联合遥感观测和前震- 余震序列获取中强地震滑动 模型的新方法

本报讯(通讯员/卢乐浚、周宇)地震对社会和人类安全构成重大威胁,其中中强地震($M_w \leq 6.5$)由于具有发生频率高、空间分布广等特点,需要给予更多关注。

为解决上述问题,中山大学地球科学与工程学院的周宇教授团队首次提出了一种联合InSAR和前震-余震序列获取同震滑动分布的新方法。该方法首先利用高精度地震重定位目录,获取前震-余震序列的震级与位置信息,并结合震级与滑动量、破裂面积之间的经验公式来模拟前震-余震所造成的形变。然后通过扣除前震-余震的地表形变(即“前震-余震改正”),以恢复实际的主

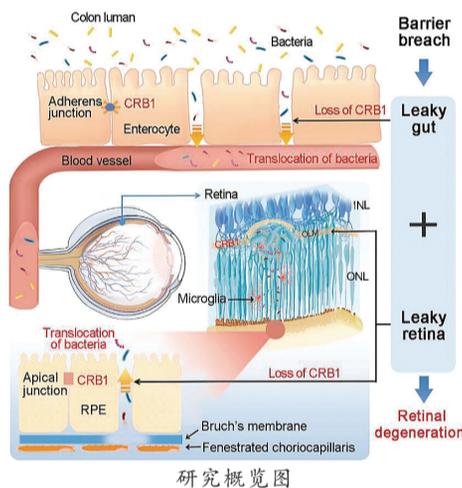
震形变,进而反演得到准确的同震滑动分布。

为验证该方法的可行性,作者构建了一组合成数据以评估前震-余震改正效果,结果显示改正后的同震滑动分布十分接近真实值,说明该方法能够很好地恢复主震的实际滑动分布。

以上研究发表于国际学术期刊《Remote Sensing of Environment》(中科院一区TOP)。中山大学地球科学与工程学院的博士研究生卢乐浚为文章第一作者,周宇教授为文章通讯作者。该研究得到了第二次青藏高原综合科学考察研究项目(2019QZKK0901)与国家自然科学基金(42374001)的资助。

中山眼科中心重大创新突破: 首次发现肠道细菌介导遗传性视网膜疾病, 并提出抗菌/肠道基因治疗的全新防控方法

本报讯(通讯员/唐艳丽)遗传性视网膜变性疾病是一类严重的不可逆致盲疾病,迄今几乎无



药可医。其中,CRB1基因突变是最常见的导致Leber先天性黑矇和视网膜色素变性的病因之一。为寻找针对CRB1基因突变相关的视网膜色素变性疾病的机制和治疗方法,中山大学中山眼科中心等科研单位组织科研人员进行了近10年的科研攻关,于近日取得突破性进展:发现CRB1基因突变导致的视网膜色素变性样损伤依赖于肠道微生物入侵,肠道中的细菌可通过被破坏的

肠道屏障和眼部视网膜屏障移行至视网膜,从而诱发视网膜炎症和色素变性样损伤。通过广谱抗生素全身治疗或在下消化道重新引入功能性Crb1表达,成功地预防了眼部疾病的发生和进展。

这一工作成果颠覆了传统上认为人类眼内无菌的认知,开辟了CRB1相关遗传性致盲眼病与肠道微生物的全新研究方向,为CRB1相关遗传性致盲眼病的治疗带来了新曙光,并可能对更广泛的眼部疾病产生影响。

本论文是中山大学中山眼科中心在Cell杂志上的首篇论文,中山大学中山眼科中心、眼病防治国家重点实验室为论文第一作者单位和通讯作者单位。

数学学院张家军教授团队 揭示增强子-启动子通讯调控转录爆发的基本原理

本报讯(通讯员/张家军)基因表达是与三维基因组结构密切相关且受到结构高度调控的过程,表现为不连续的爆发行为。增强子和启动子作为三维染色质结构上主要调节转录爆发的元件,负责时空准确的基因表达,确保细胞功能的正常实现以及帮助细胞命运决策过程。最近的许多实验研究都致力于了解基因组上调控元件之间的长程作用在调节转录爆发动力学中的作用。然而,三维染色质组织(特别是三维增强子-启动子(E-P)空间通讯)是如何随一维时间形成转录爆发模式的机制仍有待阐明。

近日,中山大学数学学院张家军教授团队开发了一个通用的理论框架,该框架整合了快时间尺度上的染色质空间运动和慢时间尺度上的基因转录爆发过程(图1),并且这一框架可以被公式化为四维核体方程(4D nucleome equation)。课题组研究人员使用这一框架来分析转录爆发在空间和时间上的动态行为,即四维转录爆发动力学。模

型分析和数值模拟揭示了幂律行为可以作为定性描述E-P空间通讯调控转录爆发的一般规律。具体地,E-P通讯强度通过正指数幂律上调爆发频率和爆发大小。对标度指数的分析进一步理论揭示了E-P通讯主要调控爆发频率。其次,E-P基因组距离通过负指数幂律下调转录爆发动力学,并且这种负调控在大的E-P基因组距离下达到饱和。爆发频率(或爆发大小)和E-P空间距离之间的互信息进一步揭示了从E-P通讯到转录爆发动力学信息传递的本质特征。这些发现与实验观察结果一致,不仅揭示了转录爆发中E-P通讯的基本原理,而且对理解细胞决策至关重要。

“Power-law behavior of transcriptional bursting regulated by enhancer-promoter communication”为题发表在国际学术期刊Genome Research上。中山大学数学学院博士后王子豪、博士后张圳泉和已毕业博士骆嵩豪为本文共同第一作者。中山大学数学学院周天寿教授为共同通讯作者,张家军教授为最后通讯作者。该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金等项目资助。

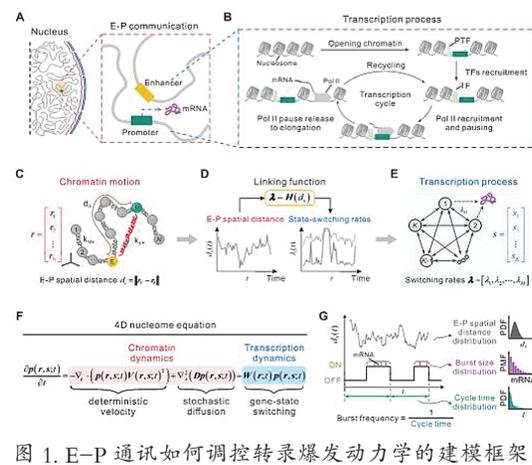


图1. E-P通讯如何调控转录爆发动力学的建模框架。