

# “水稻基因组测序和重要农艺性状功能基因组研究”取得重大进展

薛勇彪

(中国科学院遗传与发育生物学研究所 北京 100101)

**关键词** 水稻,基因组,测序,农艺性状功能

水稻是世界上最重要的粮食作物,世界半数以上的人口以此为生。我国是籼稻及其杂交稻的种植大国,而水稻与小麦、玉米等禾本科作物在基因排列上具有同线性,通过水稻基因组将很快找到其它作物的同类基因。因此,开展籼稻全基因组测序及重要农艺性状的功能基因组研究,对提升我国农作物育种水平和培育新品种具有重大战略意义,为农业高新技术产业化提供物质和科学基础。为此,2001年中国科学院启动了知识创新工程二期重大项目“水稻基因组测序和重要农艺性状功能基因组研究”的工作。经过4年多的努力,2006年4月12日中科院组织专家对该项目进行了验收,专家组认为:该项目出色地完成了合同规定的研究任务,取得了一批国际上有重大影响创新成果,凝聚和培养了一批高水平的科学研究人才,奠定了我国在该领域的国际领先地位。

水稻基因组和功能基因组研究是国际植物科学的前沿和热点领域,根据当时国际该领域的进展情况,项目分别制定了全基因组测序和染色体精确测序的战略,前者采用全基因组鸟枪法,后者采用克隆链克隆法,同时加强重要功能基因克隆和功能基因组

研究平台的研究,使我国水稻基因组研究形成“一盘棋”,从这三个层面整体推动我国水稻基因组研究,强占国际该领域的制高点。事实证明这样的安排是正确地,达到了我们实施重大行动计划的目的,为我国植物科学的发展做出了历史性贡献,也为实现我国生命科学的跨越发展做出了重要贡献。

籼稻基因组测序主要进行基因组图谱绘制,第一步是进行籼稻基因组工作框架图的绘制,第二步完成精细图的绘制。在此基础上,全面开展水稻籼、粳稻两亚种全基因组比较,并研究单、双子叶植物进化学和水稻特有基因,进行水稻全基因组芯片的研制



粳稻1号染色精细图

\* 中国科学院遗传与发育生物学研究所所长,研究员,该项目首席科学家  
修改稿收到日期:2007年8月1日

和基因表达谱研究,水稻系列基因表达标签(SAGE)、全蛋白质组学表达谱,水稻综合信息分析体系及数据库等工作,发现并阐明水稻进化、高产优质、杂交优势的分子机理,为水稻的大田育种等系统应用研究打好科学基础和做好技术准备。

国际水稻基因组计划采用了传统的BAC文库建立及测序的传统方法,“中国杂交水稻基因组计划”则采用全基因组“霰弹法”策略进行测序。此策略具有速度快、成本低、效率高的特点,尤其适用于水稻这样具有重要经济价值的物种的信息开采和挖掘。由于水稻是当时开展基因组测序的最大植物物种,因而,采用这一方法要求极强的高性能计算能力和基因组装软件。在技术、人员、管理、成本等诸多方面进行了一年多的大量优化与开发工作后,经过连续100多个日夜的奋战,中国科学家终于在这场激烈的国际竞争中后来居上,拔得头筹。2001年10月12日,中国科学院、科技部和国家计委联合向世界宣布,中国率先完成水稻(籼稻)基因组工作框架图的绘制,并免费公布数据库,一举打破了少数公司企图垄断水稻基因的做法,得到了国内外同行的一致好评。中国“籼稻”基因组研究的成本仅为同期国际水稻基因组计划经费支出的1/7。测序单位成本远远低于国际最低成本。这一项目以如此之低的投入,取得了领先世界的优秀成果,成为了科学史上一个低投入高效率的范例。

水稻基因组在农业生产上的意义完全可以与人类基因组计划在人类健康中的意义相媲美。通过对水稻全基因组序列分析,不仅可以获得大量的水稻遗传信息,而且还

有助于全面了解小麦、玉米等其它禾本科农作物的基因组,从而带动整个粮食作物的遗传机理与基础应用研究。数据库的无偿共享将为世界粮食作物的基础和应用性研究提供宝贵的数据信息,促进我国生物技术的产权化、产业化进程,也必将会促进我国在此领域的快速发展和新的突破,对国民经济持续发展和国家粮食战略安全有重要意义。

在水稻基因组测序方面,项目完成了籼稻9311的基因组草图和精细图以及粳稻日本晴4号染色体的精确图,并首次测定了水稻4号染色体的着丝粒序列;在重要功能基因克隆方面,完成了以MOC1为代表的功能和应用前景明确的基因12个以及一批有潜在应用价值的功能基因;在功能基因组研究方面,完成了2.5万余个独立的水稻T-DNA转化株系,构建了含有1万多条水稻独立EST的cDNA芯片技术平台,鉴定了与水稻传粉授精、组织器官、激素应答和环境胁迫等密切相关的基因表达谱,发现了一批重要的功能候选基因,初步建立了水稻蛋白质组研究平台,鉴定了与水稻花粉萌发的蛋白质组。在*Nature*,*Science*,*Nature Genetics*,*PLOS Biology*,*Plant Cell*,*Genome Research*等国际主流刊物发表论文50多篇,申请专利21项,其中授权6项,软件著作权登记4项。李家洋院士开展的有关水稻MOC1的工作“高等植物株型形成的分子基础”获2005年国家自然科学奖二等奖。

本项目的顺利实施成为了我国植物科学跨越发展的一个重要平台,为深入开展水稻品种分子设计研究,构建水稻基因密码图和了解物种形成和分化的分子机制奠定了重要的科学基础。



中国科学院