

禁止发布
美国东部时间下午2时
2002年4月4日，星期四

联系人：Lisa Onaga
电话：202-326-7088
lonaga@aaas.org

《科学》杂志作者声称，作为第一种被序列化的农作物，
水稻可能有助于缓解全球的饥饿问题

每天都有24,000人死于饥饿和与饥饿相关的原因，还有8亿人食不果腹。随着人口的增加和农田的缩减，因干旱、政治动荡、贫穷或其他复杂的原因所导致的食物短缺问题预计会日趋严重。

美国科学发展协会（AAAS）出版的《科学》杂志的主编Donald Kennedy指出，全球半数以上人口食用的主要农作物—水稻—的遗传密码“将加速改进作物的营养质量、产量和可持续农业的发展速度，满足世界人口不断增长的需求。”

令人意外的是，水稻的复杂性可能远远超过科学家的想象，其小型基因密度极高，基因数目甚至可能超过人类基因组。水稻基因组还可能为玉米、小麦、大麦及其他类似谷物的研究提供低成本的借鉴。

水稻的学名是*Oryza sativa*，它是世界上三分之一以上人口的主要热量来源。

北京基因研究所的Jun Yu和华盛顿大学基因中心以及11所中国研究机构的同行所完成序列化的水稻品种*indica*是中国和亚太地区的一个主要亚种。把*indica*和另一个品种杂交后，单产比其他水稻作物提高20%至30%。

由Stephen Goff及其Syngenta同行领导的另一个小组研究了*japonica*（亦称为*Nipponbare*），该亚种常见于较为干旱的地区。Goff认为Syngenta的研究可能提高水稻中维生素含量，他说：*japonica*基因组应当能够揭示Beta胡萝卜素生物合成途径，从而促进维生素A的生产。他还说：关于水稻的基因信息还可能为研究耐旱耐虫作物打下基础，有助于增进谷物在根结、滤水和其他方面的作用。

可通过GenBank存取的*indica*序列以及可通过Syngenta和《科学》杂志代管数据库存取的*japonica*序列将帮助科学家们从事进一步基因研究，最终改善全球食品供应状况。根据一项新签订的图书馆电子信息协议（EIFL），在《科学》杂志上发表的信息将免费提供给世界上可能发挥最大效用的地区。该协议还规定向41个最穷国中的非营利组织免费提供《科学》杂志发表的论文。

（未完）

INDICA水稻基因组

研究结果

由Jun Yu及其同事编制的indica水稻初步序列包含4.66亿个基对——比唯一的另一种植物基因组芥菜（*Arabidopsis*）多3.7倍，但比人类基因组少6.7倍。

水稻基因组与人类基因组相比如何呢？Indica基因组包含45,000–56,000个基因，每个基因的平均长度是4,500基对。关于人类基因的数字仍有争议，可能在30,000至40,000之间，平均基因长度为72,000基对。*Arabidopsis*估计包含25,498个基因，平均长度约为2,000基对。

基因长度的差别可能表明生成蛋白质多样性的机制不同：indica基因组（与*Arabidopsis*基因组类似）的基因复制量似乎很大，70%以上的基因被复制。

Yu所在的小组建议，较小基因的复制可能产生植物适应进化所需要的蛋白质多样性。人类和脊椎动物可能通过基因剪接的过程生成多样性蛋白质，该过程对较大的基因进行分解后重新组合。

大约1.7%的indica基因包含简单序列重复，另外1%包含复杂序列重复。简单重复仅仅涉及几个基对，可用作基因组序列的“标记”或参照点。

复杂重复亦称为“转位成分”，是在基因组中四处游动的DNA序列。研究人员注意到，人类基因组中的大多数转位子在内含子（基因的非编码部分）中，而上述两种植物的转位子则处于基因之间。

研究方法

为描绘indica基因组的序列，Yu及其同事使用了“整个基因组散弹枪方法”，该方法原来用于编排果蝇基因组序列，并被私人机构研究人员用于排列人类基因组序列。

Yu所在的小组从水稻基因组各段生成了许多已知长度的DNA切片。这些切片按照其DNA序列重合区域排列，大致能够覆盖基因组四次。研究人员然后确定每一个切片的基对序列，并用计算机程序将它们整合为较长的段。此后，这些段（称为“邻接段”，指相邻DNA序列重合的基因区）被排序，并整合为103,044个较大的组成部分，称为“支架”。

研究人员在indica基因组内部搜索基因时，把水稻序列和公共数据库中的已知基因序列以及基因预测软件程序生成的序列直接对比。他们还利用软件程序按照新陈代谢、细胞传播、细胞生长调节等一般功能类别把水稻基因分类。

（未完）

准确性

为证实准确性，Yu所在的小组收集了从公开渠道能够获得的所有水稻基因序列和标记，在indica初步序列中搜索这些序列。其搜索结果表明indica基因组初步序列覆盖了整个水稻基因组的92%。

在研究的第二阶段，该小组将生成更为详细的序列，并将该序列与水稻基因组的物理图和基因图整合。更详细的序列应当能够揭示当前初步序列中可能包含基因的任何空白段，并把所有基因按照功能类别划分。

水稻和芥菜 (Arabidopsis) 比较

与人类基因组相比（例如在基因复制方面），Yu对indica和Arabidopsis基因组的比较揭示了这两种植物基因组之间的某些类似之处。但是，其分析也反映出这两种植物之间存在一些有趣的差异，而它们代表了两大类结籽植物，即单子叶植物和双子叶植物。在最令人注意的比较中，80.6%的Arabidopsis基因见于水稻，但仅有49.4%的indica基因见于Arabidopsis。

此种不对称的情况表明水稻基因组是Arabidopsis基因组的“超级组”，是基因大量复制的结果，该发现可能揭示单子叶植物和双子叶植物进化的过程以及在两亿年前分道扬镳的奥秘。

Japonica水稻基因组

研究结果

由Stephen A. Goff及其同事编排的japonica初步序列包含估计4.2亿水稻基因组基对中的389对。软件预测程序表明，japonica基因组包含42,000至63,000个基因。该小组的分析不包括平均基因长度，但他们表示很有可能序列的基因长度超过500基对。

如同indica基因组一样，japonica基因组似乎也经历了重大复制事件：japonica基因组中大约75%的预测基因可能是复制品。Goff和其他研究人员认为，此类复制活动大部分可能在较短时间内完成，最近的一次复制事件大概发生于4千万至5千万年以前，其实也不是近期的事了。

科学家识别了40,000多个二、三、四基对简单序列重复。正如indica简单序列重复一样，这些重复在育种和群体遗传学研究中可作为有用的标记。

研究方法

Goff所在的小组也使用了散弹枪方法排列japonica基因组的序列，最终把序列切片整合为38,357个邻接段。虽然研究人员使用了一些以公共资金赞助的水稻基因

(未完)

组数据作为指导整合的标记，其初步序列中并没有包含公开的水稻基因组数据。把预测基因转译成蛋白质后，研究人员使用另一种软件程序把它们按照功能类别进行划分。结果表明，大多数分类的japonica基因涉及细胞传播和新陈代谢。分析过程中还发现了特别的载磷酸盐基因，此类基因对植物从土壤中摄取该重要养份至关重要。

准确性

Goff说，japonica初步基因组还包含95%以上向公众提供的水稻基因序列以及一个包含10万多个私人专有水稻cDNA序列的99%。

如同indica一样，研究人员认为其初步序列并不完整，但是“为完成一个高度准确的序列打下了坚实的基础，便于基因识别以及物理图和基因图的绘制。”

水稻基因组还可能有助于研究玉米、小麦等其他重要谷物的基因组。Goff及其同事把98%向公众提供的玉米、小麦和大麦蛋白质序列与japonica基因组中的序列成功匹配。分析还证实水稻和此等谷物之间存在广泛的“同线性”，即相应染色体之间基因顺序和方向的保留。基因组中的大量重合将便于搜索人们感兴趣的基因，发现跨越这些重要作物基因组的重要调节区域。

水稻和芥菜 (Arabidopsis) 比较

Goff对japonica和Arabidopsis基因组的比较反映了在抗病基因和某些开花时节基因方面的类似之处。与indica初步序列相似，japonica初步序列包含的基因数目大约是Arabidopsis基因组的两倍，大约88%的Arabidopsis基因可以在水稻基因组中找到。

基因转移

随着转基因食品问世，人们最近关注的一个问题是水稻和人类基因组之间是否有任何横向基因转移，japonica小组就此进行了搜索。Goff小组认为，虽然水稻和人类有某些共同的序列数据，“没有证据表明这些基因或任何遗传材料横向转移至人类或人类的祖先。”因此，基因不可能从转基因水稻向人类横向转移。

美国科学发展协会 (AAAS) 是世界上最大的普通科学组织和《科学》杂志出版者。AAAS成立于1848年，拥有134,000位会员及273个分支机构，代表一千万名科学家。

欲获得关于本项研究的进一步信息或美工图案，请与AAAS新闻与信息办公室联系（电话号码202-326-6440，电子邮件scipak@aaas.org）。已经登记的记者可在EurekAlert!网站查询信息<<http://www.eurekalert.org>>。

###

（本文引用之世界饥饿人口数字源于联合国“世界食品计划”。）

（未完）