

禁止發佈
美國東部時間下午 2 時
2002 年 4 月 4 日，星期四

聯絡人：Lisa Onaga
電話：202-326-7088
lonaga@aaas.org

「科學」雜誌作者聲稱，作為第一種被序列化的農作物，
水稻可能有助於緩解全球的飢餓問題

每天都有 24,000 人死於飢餓和與飢餓相關的原因，還有 8 億人食不果腹。隨著人口的增加和農田的縮減，因乾旱、政治動蕩、貧窮或其他複雜的原因所導致的食品短缺問題預計會日趨嚴重。

美國科學發展協會（AAAS）出版的「科學」雜誌的主編 Donald Kennedy 指出，全球半數以上人口食用的主要農作物—水稻—的遺傳密碼「將加速改進作物的營養品質、產量和可持續農業的發展速度，滿足世界人口不斷增長的需求。」

令人意外的是，水稻的複雜性可能遠遠超過科學家的想像，其小型基因密度極高，基因數目甚至可能超過人類基因組。水稻基因組還可能為玉米、小麥、大麥及其他類似谷物的研究提供低成本的借鑒。

水稻的學名是 *Oryza sativa*，它是世界上三分之一以上人口的主要熱量來源。

北京基因研究所的 Jun Yu 和華盛頓大學基因中心以及 11 所中國研究機構的同行所完成序列化的水稻品種 *indica* 是中國和亞太地區的一個主要亞種。把 *indica* 和另一個品種雜交後，單產比其他水稻作物提高 20% 至 30%。

由 Stephen Goff 及其 Syngenta 同事領導的另一個小組研究了 *japonica*（亦稱為 *Nipponbare*），該亞種常見於較為乾旱的地區。Goff 認為 Syngenta 的研究可能提高水稻中維他命含量，他說：*japonica* 基因組應當能夠揭示 Beta 胡蘿蔔素生物合成途徑，從而促進維他命 A 的生產。他還說：關於水稻的基因資訊還可能為研究耐旱耐蟲作物打下基礎，有助於增進谷物在根結、澆水和其他方面的作用。

可透過 GenBank 存取的 *indica* 序列以及可透過 Syngenta 和「科學」雜誌代管資料庫存取的 *japonica* 序列將幫助科學家們從事進一步基因研究，最終改善全球食品供應狀況。根據一項新簽訂的圖書館電子資訊協議（EIFL），在「科學」雜誌上發表的資訊將免費提供給世界上可能發揮最大效用的地區。該協議還規定向 41 個最窮國中的非營利組織免費提供「科學」雜誌發表的論文。

（未完）

INDICA 水稻基因組

研究結果

由 Jun Yu 及其同事編製的 indica 水稻初步序列包含 4.66 億個基對--比唯一的另一种植物基因組芥菜 (Arabidopsis) 多 3.7 倍，但比人類基因組少 6.7 倍。

水稻基因組與人類基因組相比如何呢? Indica 基因組包含 45,000-56,000 個基因，每個基因的平均長度是 4,500 基對。關於人類基因的數字仍有爭議，可能在 30,000 至 40,000 之間，平均基因長度為 72,000 基對。Arabidopsis 估計包含 25,498 個基因，平均長度約為 2,000 基對。

基因長度的差別可能表明生成蛋白質多樣性的機制不同: indica 基因組 (與 Arabidopsis 基因組類似) 的基因複製量似乎很大，70%以上的基因被複製。

Yu 所在的小組建議，較小基因的複製可能產生植物適應進化所需要的蛋白質多樣性。人類和脊椎動物可能透過基因剪接的過程生成多樣性蛋白質，該過程對較大的基因進行分解後重新組合。

大約 1.7%的 indica 基因包含簡單序列重複，另外 1%包含複雜序列重複。簡單重複僅僅涉及幾個基對，可用作基因組序列的「標記」或參照點。

複雜重複亦稱為「轉位成份」，是在基因組中四處遊動的 DNA 序列。研究人員注意到，人類基因組中的大多數轉位子在內含子 (基因的非編碼部份) 中，而上述兩种植物的轉位子則處於基因之間。

研究方法

為描繪 indica 基因組的序列，Yu 及其同事使用了「整個基因組散彈槍方法」，該方法原來用於編排果蠅基因組序列，並被私人機構研究人員用於排列人類基因組序列。

Yu 所在的小組從水稻基因組各段生成了許多已知長度的 DNA 切片。這些切片按照其 DNA 序列重合區域排列，大致能夠覆蓋基因組四次。研究人員然後確定每一個切片的基對序列，並用電腦程式將它們整合為較長的段。此後，這些段 (稱為「鄰接段」，指相鄰 DNA 序列重合的基因區) 被排序，並整合為 103,044 個較大的組成部份，稱為「支架」。

研究人員在 indica 基因組內部搜索基因時，把水稻序列和公共資料庫中的已知基因序列以及基因預測軟體程式生成的序列直接對比。他們還利用軟體程式按照新陳代謝、細胞傳播、細胞生長調節等一般功能類別把水稻基因分類。

(未完)

準確性

為證實準確性，Yu 所在的小組收集了從公開渠道能夠獲得的所有水稻基因序列和標記，在 indica 初步序列中搜索這些序列。其搜索結果表明 indica 基因組初步序列覆蓋了整個水稻基因組的 92%。

在研究的第二階段，該小組將生成更為詳細的序列，並將該序列與水稻基因組的物理圖和基因圖整合。更詳細的序列應當能夠揭示當前初步序列中可能包含基因的任何空白段，並把所有基因按照功能類別劃分。

水稻和芥菜 (Arabidopsis) 比較

與人類基因組相比（例如在基因複製方面），Yu 對 indica 和 Arabidopsis 基因組的比較揭示了這兩種植物基因組之間的某些類似之處。但是，其分析也反映出這兩種植物之間存在一些有趣的差異，而它們代表了兩大類結籽植物，即單子葉植物和雙子葉植物。在最令人注意的比較中，80.6% 的 Arabidopsis 基因見於水稻，但僅有 49.4% 的 indica 基因見於 Arabidopsis。

此種不對稱的情況表明水稻基因組是 Arabidopsis 基因組的「超級組」，是基因大量複製的結果，該發現可能揭示單子葉植物和雙子葉植物進化的過程以及它們在兩億年前分道揚鑣的奧秘。

Japonica 水稻基因組

研究結果

由 Stephen A. Goff 及其同事編排的 japonica 初步序列包含估計 4.2 億水稻基因組基對中的 389 對。軟體預測程式表明，japonica 基因組包含 42,000 至 63,000 個基因。該小組的分析不包括平均基因長度，但他們表示很有可能序列的基因長度超過 500 基對。

如同 indica 基因組一樣，japonica 基因組似乎也經歷了重大複製事件：japonica 基因組中大約 75% 的預測基因可能是複製品。Goff 和其他研究人員認為，此類複製活動大部份可能在較短時間內完成，最近的一次複製事件大概發生於四千萬至五千萬年以前，其實也不是近期的事了。

科學家識別了 40,000 多個二、三、四基對簡單序列重複。正如 indica 簡單序列重複一樣，這些重複在育種和群体遺傳學研究中可作為有用的標記。

（未完）

研究方法

Goff 所在的小組也使用了散彈槍方法排列 japonica 基因組的序列，最終把序列切片整合為 38,357 個鄰接段。雖然研究人員使用了一些以公共資金贊助的水稻基因組資料作為指導整合的標記，其初步序列中並沒有包含公開的水稻基因組資料。把預測基因轉譯成蛋白質後，研究人員使用另一種軟體程式把它們按照功能類別進行划分。結果表明，大多數分類的 japonica 基因涉及細胞傳播和新陳代謝。分析過程中還發現了特別的載磷酸鹽基因，此類基因對植物從土壤中攝取該重要養份至關重要。

準確性

Goff 說，japonica 初步基因組還包含 95%以上向公眾提供的水稻基因序列以及一個包含十萬多個私人專有水稻 cDNA 序列的 99%。

如同 indica 一樣，研究人員認為其初步序列並不完整，但是「為完成一個高度準確的序列打下了堅實的基礎，便於基因識別以及物理圖和基因圖的繪製。」

水稻基因組還可能有助於研究玉米、小麥等其他重要谷物的基因組。Goff 及其同事把 98%向公眾提供的玉米、小麥和大麥蛋白質序列與 japonica 基因組中的序列成功匹配。分析還證實水稻和此等谷物之間存在廣泛的「同線性」，即相應染色體之間基因順序和方向的保留。基因組中的大量重合將便於搜索人們感興趣的基因，發現跨越這些重要作物基因組的重要調節區域。

水稻和芥菜 (Arabidopsis) 比較

Goff 對 japonica 和 Arabidopsis 基因組的比較反映了在抗病基因和某些開花時節基因方面的類似之處。與 indica 初步序列相似，japonica 初步序列包含的基因數目大約是 Arabidopsis 基因組的兩倍，大約 88%的 Arabidopsis 基因可以在水稻基因組中找到。

基因轉移

隨著轉基因食品問世，人們最近關注的一個問題是水稻和人類基因組之間是否有任何橫向基因轉移，japonica 小組就此進行了搜索。Goff 小組認為，雖然水稻和人類有某些共同的序列資料，「沒有證據表明這些基因或任何遺傳材料橫向轉移至人類或人類的祖先。」因此，基因不可能從轉基因水稻向人類橫向轉移。

(未完)

美國科學發展協會（AAAS）是世界上最大的普通科學組織和「科學」雜誌出版者。AAAS 成立於 1848 年，擁有 134,000 位會員及 273 個分支機構，代表一千万名科學家。

欲獲得關於本項研究的進一步資訊或美工圖案，請與 AAAS 新聞與資訊辦公室聯絡（電話號碼 202-326-6440，電子郵件 scipak@aaas.org）。已經登記的記者可在 EurekaAlert! 網站查詢資訊 <<http://www.eurekaalert.org>>。

#

（本文引用之世界飢餓人口數字源於聯合國「世界食品計劃」）

（未完）