



国际团队发布马铃薯基因组序列框架图 -中国科学家发挥关键作用

中国农业科学院
2009年9月23日

2009年9月23日，由14国科学家组成的“国际马铃薯基因组测序协作组”同时在北京、阿姆斯特丹、伦敦、纽约、利马等地同时宣布了马铃薯基因组序列框架图的完成。由中国农业科学院蔬菜花卉所和深圳华大基因研究院组成的中国马铃薯基因组测序团队在此项成果中发挥了关键作用。基因组框架图对于这一重要农作物的遗传改良和育种将发挥巨大的推动作用。

马铃薯是世界上第三大粮食作物，也是最重要的蔬菜作物。在植物分类学上，它与番茄、辣椒、茄子和烟草是茄科中的“近亲”。基因组序列将帮助科学家们从分子水平上了解马铃薯是如何生长、发育和繁殖的，从而有助于继续提高马铃薯品种的产量、品质和抗病性。更重要的是，以基因组序列为工具，马铃薯育种家将加速新品种的培育，原本需要10-12年的育种过程可以缩短到5年左右。

马铃薯对我国粮食安全的作用越来越重要。我国是世界最大的马铃薯生产国，目前面积已经接近9000万亩，总产量约850亿公斤。然而我国马铃薯单产水平不到每亩1000

公斤，只有先进国家如荷兰的1/3。马铃薯产业发展的瓶颈是缺乏适合于我国土壤和气候条件的优良品种，目前绝大多数主栽品种都引自西方国家。参与和主导国际马铃薯基因组测序计划，使我国直接进入了马铃薯遗传育种研究的第一方阵，这为培养具有自主知识产权的优良品种打下了坚实的基础。

2004年，由荷兰瓦赫宁根大学发起和筹划国际马铃薯基因组测序协作组，2006年正式成立并开始工作。中国农科院副院长、马铃薯专业委员会主任委员屈冬玉博士是项目发起人之一。他通过引进人才和横向联合组建了中国马铃薯基因组测序团队。

2006 - 2008年底，国际协作组遇到了基因组高度杂合、物理图谱质量不高、测序成本高等难以克服的困难。在这种情况下，中方首席科学家黄三文博士另辟蹊径，提出了一套新的策略：以单倍体马铃薯为材料来降低基因组分析的复杂度，并采用快捷的全基因组鸟枪法策略和低成本的新一代的DNA测序技术。这一策略的改变大大提高了整个联盟的进程，提前两年完成了马铃薯全基因组的测序。这体现了在改革开放、国力增强的大环境下我国科技实力的快速提升。在今年六月爱尔兰召开的协助组会议上，各国成员决定在近期内将大部分资源都投入到中方发起的单倍体测序中。目前围绕基因组序列的转录组测序、基因注释、比较基因组分析等工作正在紧张有序的进行。

马铃薯基因组有12条染色体，8.4亿个碱基对。该框架图覆盖了95%以上的基因。深圳华大的新一代DNA测序技术平台和新的基因组拼接软件在项目中发挥了关键的作

用。新技术使基因组测序的成本和时间都减低了10倍以上。

中国团队的主要力量包含“海归”和“土鳖”。中国农科院的屈冬玉和黄三文均在荷兰瓦赫宁根大学获得博士学位，黄三文曾获得2004年度国家优秀自费留学生奖学金。基因组测序、拼接和分析团队主要由年轻的本土人员组成，平均年龄25岁。该项目的核心方法和软件均为自主创新。

本项目取得的成功与多个部委和单位的支持是分不开的。科技部基础司和国际合作司、财政部科教文卫司、农业部科教司和国际合作司、国家自然科学基金委提供了立项和经费支持。中国农业科学院和深圳市政府提供了条件建设支持。