

DOI: 10.13376/j.cbils/2016147

文章编号: 1004-0374(2016)10-1101-02

· 专刊: 水稻功能基因组研究与遗传改良 ·



张启发, 华中农业大学教授, 中国科学院院士。长期从事水稻功能基因组和水稻遗传改良研究, 在水稻产量、光敏不育、籼粳亚种间杂种优势利用等重要基因的克隆和分子机理解析, 应用生物技术进行品种资源创新等领域取得一系列重要成果。牵头组织实施了水稻功能基因组研究项目, 是我国水稻功能基因组的主要开创者和带头人之一, 基于水稻功能基因组研究成果提出了绿色超级稻的发展方向。在 *Science*、*Nature Genetics*、*PNAS*、*Nature Biotechnology*、*The Plant Journal*、*Genetics*、*Theoretical and Applied Genetics*、《中国科学》等杂志上发表论文 210 余篇, 主编专著 3 部, 获得各类奖励/荣誉 20 余项。

## 序 言

张启发

(华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室及国家植物基因研究中心(武汉), 武汉 430070)

20 世纪 90 年代以来, 人类基因组测序推动了世界基因组研究的大潮。过去 20 年中, 大量生物完成了基因组测序。1997 年国际水稻基因组测序计划 (IRGSP) 启动, 2005 年粳稻品种“日本晴”全基因组序列在 *Nature* 杂志上发表。多种生物全基因组序列的获得在给研究工作提供极大方便的同时, 也给生命科学研究提出了巨大的挑战。其中一个最主要的挑战是如何确定 DNA 序列的功能。“功能基因组学”应运而生, 其主要任务是确定这些序列, 包括编码区、调控因子和重复序列的功能, 揭示各种生命现象所涉及到的基因及其表达调控的机理, 最终阐明基因组的功能。功能基因组是当前和今后相当长的时期内植物生命科学研究中的核心领域, 是植物生命科学领域知识、技术创新和知识产权的主要源泉。

自 1999 年开始, 国家科技部开始了对水稻功能基因组研究的重点支持。我国科学家在水稻功能基因组领域全面布局, 在水稻功能基因组技术、资源与信息平台的构建, 重要基因的分离克隆和功能鉴定, 产量、品质、抗逆、营养高效等重要农艺性状的功能基因组等方面展开了研究工作。经过三个五年计划的发展, 建成了大型水稻突变体库及其相应的数据信息库, 建立了表达组、代谢组、表型组等平台技术, 开展了大规模的重测序和全基因组关

联分析; 分离克隆了产量、株型、品质、抗病、抗虫、抗逆、养分高效利用、雄性不育-育性恢复、籼粳杂种不育-广亲和等重要性状的数以百计的基因, 阐明功能及调控网络; 研发了多种基因组育种芯片, 建立了育种技术体系, 提升了种业科技水平; 培育了一大批具有产业化前景的转基因水稻株系, 抗虫水稻获得了转基因生物安全证书。大量研究成果发表在国际最高水平的学术刊物上, 我国水稻功能基因组研究整体水平进入了国际领先地位。

2015 年 1 月, 我国科学家以“水稻功能基因组研究的现状和未来”为题召开香山会议, 通过热烈研讨确立水稻功能基因组研究进一步发展的长远目标为: 明确全基因组所有基因及调控序列的功能, 解析基因组互作调控网络, 阐明水稻重要农艺性状形成的机理, 发掘栽培稻及野生种的基因组多样性。适时启动水稻 3D、4D 基因组研究, 培育新的生长点和制高点。进一步建立完善水稻组学研究的技术、资源和信息平台。发展基因组育种技术体系, 应用功能基因组研究成果于绿色超级稻新品种的培育, 提升我国种业创新能力和国际竞争力, 为我国资源节约、环境友好的农业生产做贡献。

本人有幸一直参与水稻功能基因组项目的组织工作, 见证了我国水稻基因组研究的发展和繁荣, 目睹了新一代科学家的成长和卓越, 对我国科学家

攻坚克难、勇攀高峰的优秀业绩深为佩服和自豪。为推动作物功能基因组和农业生命科学的进一步发展，我们承担了中国科学院学部发展战略研究项目“水稻等主要农作物功能基因组研究发展态势分析”，以期为该领域的规划和布局提供参考。作为项目的重要内容之一，在《生命科学》编辑部的组织下，我们邀请相关研究方向的优秀专家编撰了这

期“水稻功能基因组研究与遗传改良”专刊，以展示我国水稻功能基因组研究的成果，展望发展方向和应用前景。感谢各位同仁积极配合、辛勤劳动，在万忙中完成了编写工作。然而，由于篇幅所限，大量的优秀成果未能在本专辑中得以反映，挂一漏万在所难免，谨致歉意。