

讀者來函

21 世紀農業生技的大事—水稻突變種原庫的利用

余淑美（分子生物研究所研究員）

大約才 5-6 年以前，分子生物學家無論是研究哪一種生物基因的構造或功能，多半是一次一個基因，很多甚至是窮畢生精力，也只研究一個基因。但是這幾年來，由於基因體學資訊快速累積及研究技術日益精進，致使基因結構或功能的研究方式產生了重大的改變，一個研究室想同時研究幾十個甚至上百上千個基因已不是一件太難的事。但是，這種大規模基因體學研究的方式，必須耗費相當多的經費與人力，因此，幾乎已成為研究經費較充裕的國家所擁有的優勢。投資較多研究經費，往往創造出較好的研究資源及掌握較多衍生出來具有應用價值的智慧財產權，也因此，一個國家基因體學研究水準的高低，可反映在生物科技發展速度的快慢上。

在這股全球基因體學研究的熱潮中，台灣學界也緊追不捨，因為一旦落後太多，未來在學術研究及生物科技發展的國際競爭舞台上難以佔有一席之地。目前台灣學界所參與基因體學研究，包括人類、豬、老鼠、斑馬魚、果蠅、線蟲等動物、水稻、阿拉伯芥、蘭花等植物、以及病毒、真菌、細菌等微生物，大部分有甚佳的成績。這些基因體學研究所用的資源多半開放流通於全球學界，但是有些資源則非如此。以植物為例，阿拉伯芥的研究資源全球共享，而水稻研究資源的流通性則較受限制。

阿拉伯芥是一種屬於十字花科不起眼的小野草，但是因為基因體組很小（與果蠅差不多，只比酵母菌大 10 倍），麻雀雖小五臟俱全，一般植物該有的基因幾乎都有，而且生活史短，栽種面積需求很小（一個培養皿可種上數百棵），易進行突變及遺傳分析，因此成為第一個研究基因體學的模式植物。小兵立大功，阿拉伯芥的研究使植物學者在短短幾年之內對植物基因功能的瞭解，遠多於過去幾十年所累積的成果。阿拉伯芥的研究資源在歐美國家政府慷慨解囊的支持下建立，並開放全球學界共享。阿拉伯芥屬於雙子葉植物，但是全球最主要的穀類糧食作物，例如水稻、小麥、玉米等，則屬於單子葉植物。兩种植物經過 200 萬年的分別演化，基因體構造與基因功能有相當大的差異。例如水稻的基因，大概只有 50% 可在阿拉伯芥中找到，而許多水稻基因的調控方式也與阿拉伯芥大不相同。

水稻是全球最重要的農作物之一，約為 50% 人口的主要糧食，栽培區域遍布各大洲超過 100 個以上的國家。由於稻米兼具易調理、營養健康及多樣化的特點，普遍受到消費者的喜愛。而因全球人口快速成長，如何改進稻米的品質，及增加其抗病蟲害和抗逆境（乾旱、高鹽、高低溫等）的能力以增加稻米產量，已成為全球植物學家及稻米育種學家極為關心的課題。目前水稻是研究植物基因體功能最重要的單子葉模式植物，原因是其基因體組比其他重要穀類作物小很多，基因體定序已完成，基因結構分析資料庫豐富，易進行突變及遺傳分析，而且已知功能之基因可應用於其他穀類作物。但是由於水稻是重要的經濟作物，加上其研究資源建立較不易，多由農業生技公司及幾個國家單獨投資大筆經費所建立，因此，其研究資源的流通性遠不如阿拉伯芥。

鑑於水稻基因體學研究的重要性，中研院植微所早於 1999 年開始積極參與全球水稻基因體定序之國際合作，並於 2005 年完成這項艱鉅的計畫。同時，分生所與植微所於 2002 年開始另一更具挑戰性的計畫—建立大規模之水稻突變種原庫及高效率研究水稻基因功能的系統。對於這個計畫，本人自 2000 年開始構思兩年，遲遲未能啟動，原因是必須獲得足夠經費及花費相當多時間去進行各種系統建立與整合的工作，困難度頗高。至 2001 年底，斟酌國際發展情勢，如果再不進行就會太晚，於是向李遠哲院長及陳長謙副院長說明此計畫的重要性，很幸運地獲得他們二位充分支持計畫開始運作所需的經費，而沈哲鯤所長也在實驗室空間及其他需求上盡力協

助，因而台灣水稻基因突變種原庫得以開始建立。這個計畫的執行，尚獲得蘇仲卿教授、蕭介夫所長及賀端華所長許多支持與鼓勵，以農業國家型計畫的經費大力支持，另外賴明詔副院長也以中研院基因體及蛋白體計畫的經費從旁協助，因此得以順利進行。

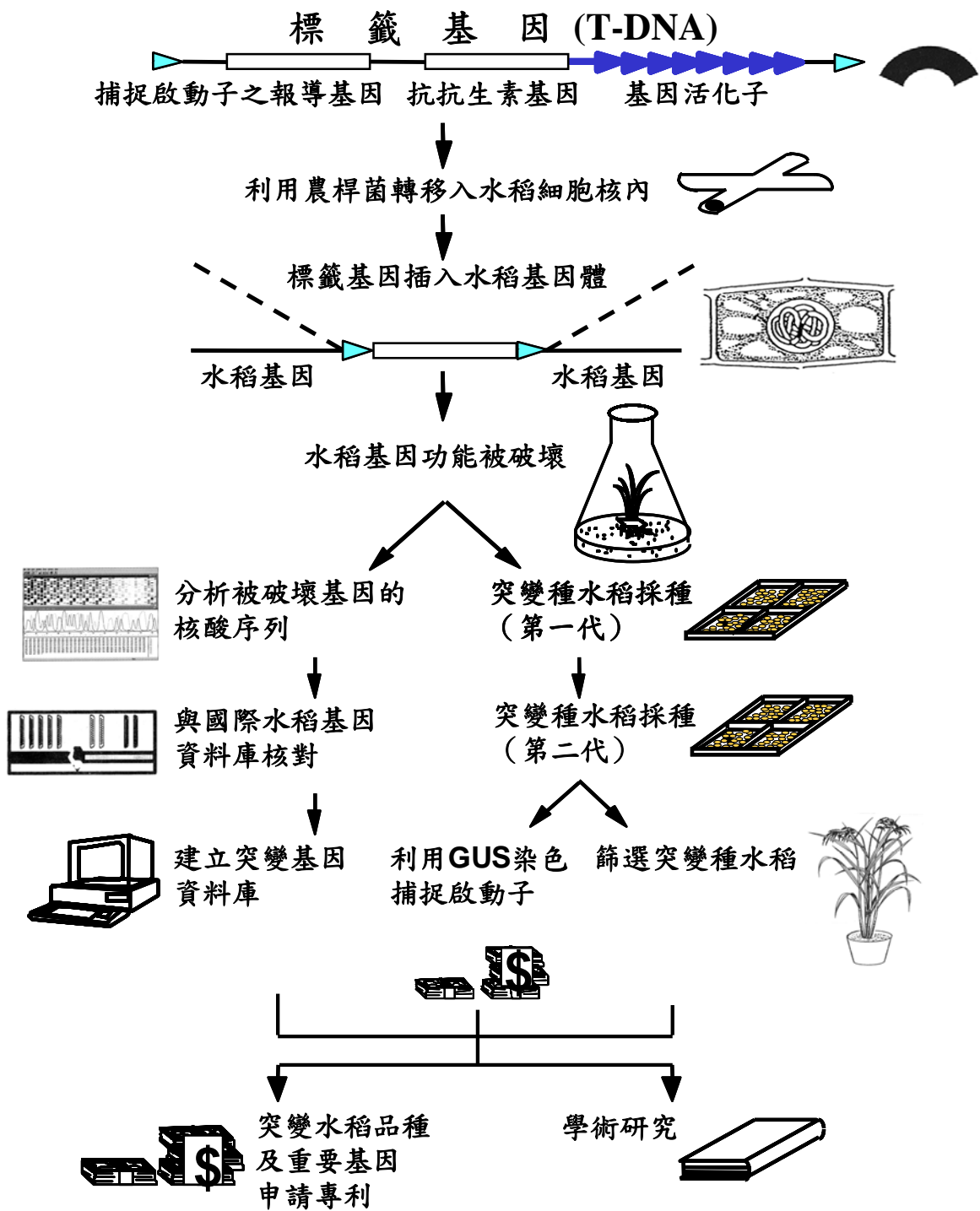
本計畫獲致成功的關鍵因素是四個研究團隊密切配合。水稻突變種的產生，係藉由農桿菌進行基因轉殖，將 T-DNA 隨意插入水稻基因體中，使基因發生突變而改變性狀（圖一）。在中研院分生所製造出來的突變水稻幼苗，必須運送至台中霧峰農委會農試所，由陳治官博士所率領的團隊接下在田間日曬雨淋辛苦種植及採種的大任，再由國家種原庫范明仁博士所率領的團隊不計成本地整理包裝保存及分送突變水稻種子，最後再由中研院本人及邢禹依研究員的團隊進行突變基因選殖、生物資訊分析及資料庫建立（圖二）。這個計畫結合中研院、國科會及農委會的資源，四年來，已建立包含 5 萬 5 千個突變株品系的突變種原庫及 1 萬 5 千筆突變基因資料庫。

台灣水稻突變種原庫的建立較其他國家起步晚約 3-5 年，但有後來居上之勢，在規模上目前已位居全球同類型水稻突變種原庫的第三位，僅次於中國與韓國。若合併算入可提供研究者大量突變種子及擁有大規模之突變基因資料庫兩種優勢，則可能位居第一位。這個資源提供植物學家研究水稻基因功能極重要的材料。目前台灣有十多個研究室參與水稻基因功能的研究，已陸續自這個水稻突變種原庫發現許多控制水稻生長發育、高度、產量、抗逆境及資源再利用相關的重要基因及啟動子（控制基因表現的開關），對未來利用生物科技改進水稻品種，以符合在糧食、工業、醫藥及生質能源等用途上的需求，已是指日可待（圖三）。此外，也預期在未來幾年之內，台灣在水稻功能性基因體的基礎與應用研究將有豐碩的成果。

台灣自行建立的水稻突變種原庫及突變基因資料庫，提供國內及國際學者珍貴豐富的研究資源，不但提升國內水稻研究的水準與國際競爭力，並且提高國際形象與知名度。本人與中研院秉持感恩及回饋國家社會的心懷，擇此適當時機向社會大眾介紹這些研究資源及其重要性，於 6 月 30 日上午在行政大樓將有許多有趣突變水稻的展示，歡迎大家參觀指教。最後，感謝所有無法在此一一提及的長官、朋友及幕後努力工作的所有同仁的支持、鼓勵與協助。

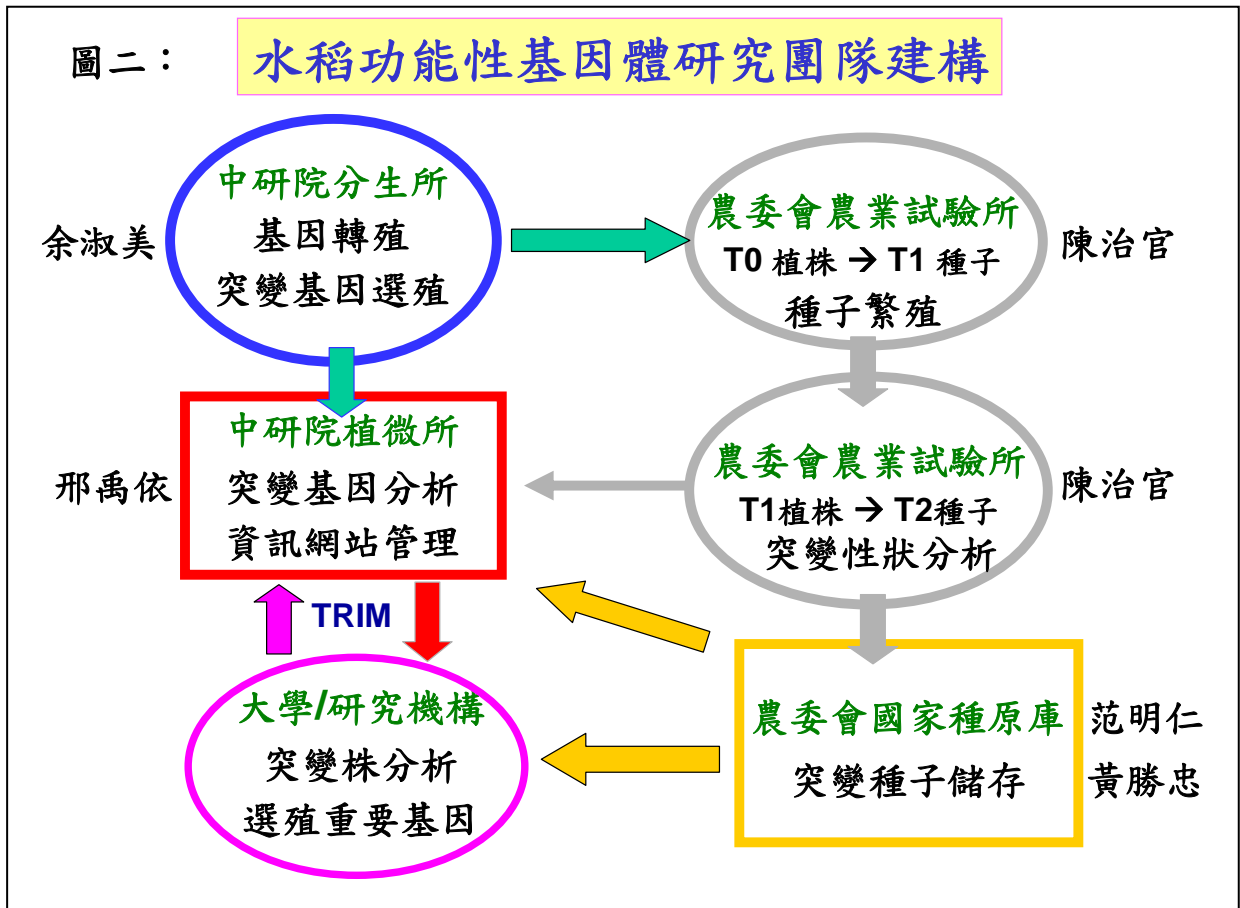
圖一：

水稻突變種原庫及突變基因資料庫之建立與利用



圖二：

水稻功能性基因體研究團隊建構



圖三：

水稻功能性基因體研究

