

# 筑梦科学，砥砺前行

## ——庆祝中国科学院遗传与发育生物学研究所成立 60 周年

杨维才

中国科学院遗传与发育生物学研究所，北京 100101

生命科学是研究生命运动及其规律的科学。1838~1839 年，德国的施莱登和施旺分别提出动植物的细胞学说。1865 年，孟德尔发现了生物性状遗传的两个基本定律——分离定律和自由组合定律，奠定了遗传学的基础。1953 年，沃森和克里克提出遗传物质 DNA 双螺旋结构模型，分子生物学序幕被揭开。20 世纪 70 年代，古老又年轻的发育生物学学科正式形成。在过去几十年中，生命科学各个学科不断交叉融合、互相促进，各项前沿技术不断创新，科学发现不断涌现，生命科学的发展迎来了蓬勃发展的局面<sup>[1]</sup>。

中国科学院遗传与发育生物学研究所(以下简称遗传发育所)是在 2001~2002 年由原中国科学院遗传研究所、发育生物学研究所及石家庄农业现代化研究所整合而成。中国科学院遗传研究所的前身是 1951 年创建的中国科学院遗传选种实验馆，它的成立标志着全国唯一从事遗传学研究的国立科研机构正式诞生。1978 年，为了加强我国农业综合研究能力、推进农业现代化建设、逐步解决全国粮食和农产品重量不足等问题，中国科学院组建了石家庄农业现代化研究所。随着发育生物学的形成和发展，1980 年，在我国著名实验胚胎学家童第周先生与美国坦普尔大学牛满江教授联名倡议下，中国科学院成立了发育生物学研究所。2001 年，在中国科学院“知识创新工程”的整体部署下，遗传研究所与发育生物学研究所整合，组建中国科学院遗传与发育生物学研究所。2002 年，石家庄农业现代化研究所

整体并入新组建的遗传发育所<sup>[2]</sup>。从此，一个历史积累丰富而又充满活力的国立科研机构以崭新的面貌出现在我国科技发展史上<sup>[2]</sup>。

整合后的遗传发育所在发展中不断凝练科学目标，明确科学任务，形成了新时期的发展定位：面向我国农业和人口健康的重大战略需求、生命科学前沿和国民经济主战场，重点开展基因组结构与调控规律、细胞发育分化分子机理、重要农艺性状分子解析、农业生态可持续发展、前沿学科交叉领域的研究，实现遗传与发育生物学领域重要科学和关键技术问题的重大突破；建设种子创新研究院，在国家现代农业和人口健康科技创新体系中发挥骨干和引领作用，成为遗传与发育生物学原始创新研究基地、生物高新技术研发基地和优秀人才培养基地，成为在国内外具有重要影响力与核心竞争力的著名研究所。围绕这一定位，遗传发育所优化学科布局，设立了基因组生物学、分子农业生物学、发育生物学、分子系统生物学和农业资源 5 个研究中心；继植物细胞与染色体工程国家重点实验室以后，组建了植物基因组学和分子发育生物学两个国家重点实验室以及栾城农田生态系统国家野外科学观测站；与地方研究机构合作，形成覆盖华北麦区和长江中下游等主要生态区的水稻、小麦、大豆、玉米、棉花以及大动物育种网络，以及以南京、常州、重庆和宁夏为主的再生医学研究网络；建立了常州遗传资源研究中心、湖羊产业研究院、东营市分子育种中心和海南省种子创新研究院等地方法人研究中

收稿日期: 2019-09-11

作者简介: 杨维才，中国科学院遗传与发育生物学遗传研究所所长。E-mail: wcyang@genetics.ac.cn

DOI: 10.16288/j.ycz.19-191

网络出版时间: 2019/9/17 13:04:15

URI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20190917.1036.002.html>

心, 实现了科技成果向重点产业区和生态区的转化和落地。

在生命科学不断发展的进程中, 遗传发育所始终面向生命科学前沿和国家战略需求, 抓住机遇、创新突破、持之以恒地探索与人类生存息息相关的农作物、动物以及人类自身的生命奥秘, 取得了一系列有重要学术意义和应用价值的研究成果, 为国家科技和经济的发展做出了重大贡献, 走过了 60 年不平凡的历程。

20 世纪 60 年代, 遗传发育所科研人员率先开展高粱雄性不育三系配套和杂种优势利用研究, 这为我国进一步应用和发展杂种优势技术奠定了基础; 开展低剂量电离辐射对人的遗传学效应研究, 开启了我国的辐射遗传学研究。70 年代, 科研人员在国际上首次培养出小麦花粉植株, 以及玉米和三叶橡胶等作物花粉植株, 开创了我国植物花药培养的先河; 对牛羊等家畜成功实施胚胎移植, 拉开了我国家畜胚胎工程研究的序幕; 在国内最早开始了遗传疾病的孕早期产前诊断; 首次提出和实施了我国农业为主的县域资源考察方法和关键技术; 首次研制出我国第一代管式塑料大棚, 开启了我国设施农业的发展。80 年代, 科研人员获得国内第一批转基因植株; 成功培育出家鸡纯系与胚胎系; 开展基因工程抗体研究并成功表达多种抗肿瘤抗体; 开展中国各民族人群遗传背景和素质研究; 利用细胞核移植技术获得“鲤鲫的核质杂交”杂交鱼后代并进行生产推广; 率先开展转基因动物研究, 建立“家兔个体表达系统”; 率先在国内开展哺乳动物的细胞核移植工作, 成功获得克隆兔; 承担“黄淮海平原中低产地区综合治理”任务, 为我国粮食增产做出巨大贡献; 首次提出“庭院经济”与“林业生态工程”理论, 推动了全国“庭院经济”的蓬勃发展与林地综合生态治理。90 年代至 20 世纪末, 科研人员建立不同作物的基因转化方法, 获得一批具有抗性基因的转基因植物; 定位和水稻抗病等功能性基因; 培育出多个小麦、玉米、水稻和大豆等优良品种; 成功通过核移植克隆山羊, 并获得世界上首批胚胎细胞连续核移植的山羊; 揭示小鼠受精过程中卵激活和精核重建机理; 利用染色体工程方法选育高效节水小麦新品种; 建立节水型农业模式。

进入 21 世纪, 围绕新时期发展定位, 遗传发育

所在基因组学与基因资源挖掘、作物杂种优势利用、品种分子设计、基因组编辑、再生医学和生态节水农业技术等领域取得了一系列的重大研究成果, 实现了引领性的创新发展。

面向生命科学前沿, 在基因组学方面, 2001 年, 遗传发育所成功完成国际“人类基因组计划”的 1% 测序任务, 使中国成为除美、英、日、法、德以外唯一参与此项目的发展中国家; 2002 年, 率先在世界上完成了水稻(粳稻)基因组框架图和精细图谱的绘制, 以及“日本晴”第四号染色体的精细测序工作; 2013 年和 2018 年, 小麦基因组测序攻关团队率先在国际上先后完成小麦 A 基因组草图绘制和精细图谱绘制。在本期专刊中, 凌宏清团队撰写的《小麦 A 基因组测序与进化研究进展》综述了小麦 A 基因组图谱的绘制以及比较基因组学的研究进展, 系统介绍了小麦 A 基因组在重复序列、基因家族比较、扩张机制及结构变异、染色体进化和群体基因组学方面的分析结果<sup>[3]</sup>。除此以外, 遗传发育所还先后独立或合作完成了野生稻、小盐芥、番茄、苦芥、橡胶草和金鱼草等重要模式植物和资源作物的基因组测序分析工作。获得的这些基因组学数据中蕴藏着大量的基因组变异和相关功能信息, 对这些数据的深度整合和利用尤为重要。本期专刊中, 梁承志研究员撰写的《从作物基因组分析到整合组学知识库建设》以“生物大数据分析平台”的使命为出发点, 介绍了平台在多个植物的基因组数据加工和分析方面所做的探索性工作, 以及开发的查询展示和数据挖掘工具, 展望了构建一个作物多组学的整合数据库的前景, 以期对作物功能基因组学和分子设计育种研究提供坚实的数据和计算技术支撑<sup>[4]</sup>。白洋团队撰写的《微生物组数据分析方法与应用》系统综述了微生物组学数据分析的基本指导思想和开展分析所需要具备的基础知识, 同时对本领域近 10 年来微生物组学领域的常用软件如扩增子分析、宏基因组分析软件和进化分析等进行了概述, 推荐了一些新方法和新工作方式, 助力同行更方便、灵活的分析微生物数据, 更有效挖掘数据背后的生物学意义, 推动微生物组学领域的发展<sup>[5]</sup>。

在功能基因组学研究方面, 遗传发育所克隆和鉴定了多个控制植物发育、生殖、抗病、耐逆、产量和营养代谢的相关基因及其功能。科研人员首次

分离克隆了水稻分蘖控制基因, 揭示了禾本科植物株型发育分子机理, 系统阐明了水稻理想株型形成的分子调控机制, 奠定了我国在水稻功能基因组学研究领域的国际领先地位, 系列工作荣获 2017 年度国家自然科学奖一等奖; 克隆了植物自交不亲和花粉决定因子, 深入解析了被子植物有性生殖的分子机理, 取得了植物生殖领域的重大突破; 克隆了农作物氮肥高效利用的数个关键基因, 揭示了其分子调控机制。在表观遗传学研究方面, 科研人员系统揭示了组蛋白甲基化和小分子 RNA 等表观遗传修饰在转录和转录后水平调控基因表达和转座子活性的分子机理, 促进了植物表观遗传学学科的发展。

蛋白质组学和代谢组学是除基因组学以外, 生命科学研究的另外两个层面。遗传发育所先后建立了蛋白质组分析平台和代谢组学分析平台。蛋白质组分析平台主要聚焦于提高高通量蛋白质组鉴定的准确度和覆盖度以及新型蛋白质修饰的质谱学分析技术, 对微生物、动植物和病理样本进行定量蛋白质组鉴定、蛋白质翻译后修饰的富集、鉴定和分析。本期专刊中, 汪迎春团队撰写的《大规模膜蛋白质组鉴定技术进展》总结了过去 20 余年膜蛋白质组学技术的重要进展, 介绍了膜蛋白质生物化学特征及如何进行分离纯化, 并以光合作用模式蓝藻集胞藻的膜蛋白质组学研究为例, 阐述了如何提高膜蛋白鉴定的覆盖度<sup>[6]</sup>。代谢组学平台能够多层次、多角度地对各种生物体中的小分子代谢物进行定性和定量分析, 鉴定代谢产物与特定基因表达变化之间的联系, 研究其在动植物生长发育和与环境之间应答中的作用, 从而解析生命活动规律的内在机制。本期专刊中, 王国栋团队撰写的《现代代谢组学平台建设及相关技术应用》详细介绍了基于色谱-质谱联用技术的代谢组学平台的硬件组成, 以及基于两种不同技术的代谢组学平台在系统生物学研究中的具体应用和可检测代谢物的种类等, 并对代谢组学分析的未来发展方向进行了展望<sup>[7]</sup>。

生命科学每一次的快速发展都离不开新技术新方法的推动。以 21 世纪初快速发展起来的基因组编辑技术为基础的研究, 掀起了人类对于生命科学的新一轮认知。2014 年, 遗传发育所基因组编辑中心成功进行多基因同时编辑, 在世界上首次创制出对小麦白粉病具有广谱抗性的新材料, 这一突破性研

究在 2016 年被 *Nature Biotechnology* 评选为创刊 20 周年最具有影响力的 20 篇论文之一。2017 年, 中心建立了高效的具有自主知识产权的单碱基编辑系统, 获得了一系列传统方法难以培育出的抗除草剂水稻和小麦新种质资源。本期专刊中, 高彩霞团队撰写的《碱基编辑系统研究进展》系统介绍了两种单碱基编辑系统——胞嘧啶碱基编辑系统和腺嘌呤碱基编辑系统的特点、开发、优化、脱靶效应及改善策略等, 总结了两种系统在动物、植物及细菌中的应用, 提出了未来需要迫切解决的一些问题, 以期对相关领域的科研人员进一步了解、使用及优化碱基编辑系统提供参考<sup>[8]</sup>。

在发育与疾病领域, 遗传发育所主要聚焦于神经发育与疾病、代谢与衰老研究等相关领域。科研人员发现了多个蛋白复合体和脂质等在神经形成发育、神经元迁移、干细胞发育等过程中的作用与调控机制; 揭示了智障、精神分裂症、小头畸形和亨廷顿病等重要神经疾病的发病机理; 鉴定了多个新的白化病、高脂血症和大脑发育缺陷等致病基因, 阐明了相关代谢疾病与进化的机制。科研人员在全球首次证实寨卡病毒可以直接导致小颅畸形的发生, 揭示了寨卡病毒传播途径和导致毒性增强的位点等, 这对于寨卡病毒致病机制研究和疫苗药物的研发具有重要意义。本期专刊中, 许执恒团队撰写的《脑发育疾病及发病机制》针对大脑皮层发育畸形和大脑功能障碍这两类代表性的脑发育疾病, 分别以小颅畸形和孤独症谱系障碍为例, 从症状、病因、机制和相关基因等方面展开介绍, 以期为基础研究和治疗提供理论指导<sup>[9]</sup>。

面向我国农业可持续发展的重大战略需求, 遗传发育所组织实施的“渤海粮仓科技示范工程”对推动环渤海中低产田农业可持续发展做出了重大贡献, 成功破解了盐碱地改良世界性难题, 解决了水土资源制约粮食增产核心问题。2013 年, 遗传发育所组织实施“分子模块设计育种创新体系”战略性先导专项, 一系列研究工作突破了作物在株型、耐寒、杂种优势和氮高效利用等性状的理论和技术瓶颈, 形成了从遗传研究、品种培育到应用推广的完整研究体系, 推动了我国育种技术从常规育种到分子设计育种的跨越发展。截止 2018 年底, 遗传发育所共培育审定(登记)水稻、小麦、大豆、玉米、高粱、



油菜、棉花等农作物(经济)新品种 110 余个,累计推广辐射 1 亿亩以上,创造社会经济效益超过 120 亿元。李振声院士因在小麦远缘杂交育种研究与小偃系列品种培育方面作出的重大贡献,荣获 2006 年度国家最高科技奖。在分子设计育种方面,选用野生或半野生植物,综合运用基因组学、基因编辑和合成生物学等方法,对其农艺性状进行重新设计获得新型作物是一种全新的育种策略。本期专刊中,许操团队撰写的《重新设计与快速驯化创造新型作物》对作物驯化的发展历程及其对农业发展和人类文明的贡献进行了回顾,从全球气候变化和培育新型作物等方面阐述了育种策略创新的迫切性,对作物重新设计与快速驯化创造新型作物的可行性、最新进展和发展前景进行了探讨和展望<sup>[10]</sup>。

面向人口健康的重大战略需求,遗传发育所再生医学中心在再生医学研发领域取得重大进展。科研人员提出了生物支架材料-干细胞-再生因子三要素构建再生微环境的再生医学新体系,突破了支架制造、结合目标干细胞和生长因子等关键技术,解决了子宫内膜损伤引起不育的世界性医学难题,并在急性脊髓损伤、卵巢早衰、声带修复和心肌损伤等其他组织器官损伤的临床治疗中显示了良好的应用前景。本期专刊中,戴建武研究员与南京大学医学院孙海翔团队共同撰写的《衰老导致卵巢功能低下研究进展》对衰老导致卵巢功能低下的相关因素进行了总结,深入探讨了发生的分子机制,概述了进行干预治疗的几种措施,对使用卵巢内干细胞移植改善高龄女性的卵巢功能和提高妊娠率的前景进行了展望<sup>[11]</sup>。

60 年来,遗传发育所几代科学工作者栉风沐雨、开拓进取,以满足国家需求为己任,开创和推动了我国细胞遗传学、表观遗传学、基因组学、发育生物学、作物育种学和农业生态学等学科的研究与发展,取得了一项项重要科技成果,助力国家科技创新。未来,遗传发育所将继续不忘初心,筑梦科学,砥砺前行,始终牢记科学强国使命,坚持“厚德、笃志、求索、创新”的精神,聚焦国家战略,不断提升原始创新能力,加强生物高新技术研发,出重大成果、出拔尖人才、出创新思想,向国内外具有重要影响力与核心竞争力的国际一流研究所迈进。

## 致谢

特别感谢中国科学院遗传与发育生物学研究所学会出版部于昕和刘忠华对此文的贡献。

## 参考文献(References):

- [1] 张永清, 薛勇彪. 遗传学: 生命科学领域的引领学科. 遗传, 2018, 40(10): 791-793. [DOI]
- [2] Institute of Genetics and Developmental Biology ed. Dreaming Science. 2019, Science Press.  
中国科学院遗传与发育生物学研究所编著. 杨维才、胥伟华主编. 《筑梦科学》2019, 科学出版社. [DOI]
- [3] Shi XL, He YL, Ling HQ. Progress on wheat A genome illustration and its evolutionary analysis. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 836-844.  
史晓黎, 何伊琳, 凌宏清. 小麦 A 基因组测序与进化研究进展. 遗传, 2019, 41(9): 836-844. [DOI]
- [4] Liang CZ. From genome analysis to construction of an integrated omics knowledgebase for crops. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 875-882.  
梁承志. 从作物基因组分析到整合组学知识库建设. 遗传, 2019, 41(9): 875-882. [DOI]
- [5] Liu YX, Qin Y, Guo XX, Bai Y. Best practice for microbiome data analysis. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 845-862.  
刘永鑫, 秦媛, 郭晓璇, 白洋. 微生物组数据分析方法与应用. 遗传, 2019, 41(9): 845-862. [DOI]
- [6] Lv DD, Zhang YY, Ge HT, Huang XH, Wang YC. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 863-874.  
吕丹丹, 张媛雅, 葛海涛, 黄夏禾, 汪迎春. 大规模膜蛋白质组鉴定技术进展. 遗传, 2019, 41(9): 863-874. [DOI]
- [7] Zhang FX, Wang GD. Current metabolomics platforms: technical composition and applications. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 883-892.  
张凤霞, 王国栋. 现代代谢组学平台建设及相关技术应用. 遗传, 2019, 41(9): 883-892. [DOI]
- [8] Zong Y, Gao CX. Progress on base editing systems. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 777-800.  
宗媛, 高彩霞. 碱基编辑系统研究进展. 遗传, 2019, 41(9): 777-800. [DOI]
- [9] Jiang YS, Xu ZH. Brain developmental diseases and pathogenic mechanisms. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 801-815.  
姜义圣, 许执恒. 脑发育疾病及发病机制. 遗传, 2019, 41(9): 801-815. [DOI]
- [10] Yang XP, Yu Y, Xu C. *De novo* domestication to create new crops. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 827-835.  
杨新萍, 于媛, 许操. 重新设计与快速驯化创造新型作物. 遗传, 2019, 41(9): 827-835. [DOI]
- [11] Liu CM, Ding LJ, Li JY, Dai JW, Sun HX. Advances in the study of ovarian dysfunction with aging. *Hereditas (Beijing)*, 2019, 41(9): 816-826.  
刘传明, 丁利军, 李佳音, 戴建武, 孙海翔. 衰老导致卵巢功能低下研究进展. 遗传, 2019, 41(9): 816-826. [DOI]