

|          |                                       |            |
|----------|---------------------------------------|------------|
| 39400070 | 中国主要猪品种遗传多样性及起源分化研究.....              | 兰宏 (10-1)  |
| 39400071 | 中国西北地区主要民族HLA 基因多态性的研究.....           | 赖淑华 (10-1) |
| 39400072 | 人 $\beta$ 珠蛋白基因5' 旁侧-814bp上游新转录调控元件研究 | 杨友云 (10-1) |
| 39400073 | 通过不对称体细胞杂交将菰部分基因组转移给水稻.....           | 刘宝 (10-2)  |
| 39400074 | 重组DI RNA在植物病毒复制机理研究上的应用.....          | 张国华 (10-2) |
| 39400075 | 细胞因子的神经调节作用及其分子机理研究.....              | 陈素珍 (10-2) |
| 39400076 | 海带模式转化系统的建立以及转藻胆蛋白基因海带的培育             | 秦松 (10-3)  |
| 39460034 | 大链壶菌细胞核的初步研究.....                     | 苏晓庆 (10-3) |
| 39460035 | 显性核不育亚麻遗传规律的研究.....                   | 张辉 (10-3)  |
| 39460036 | 维吾尔族家族性XY真两性畸形SRY 基因的研究.....          | 李牧尧 (10-4) |
| 39460037 | 反义-Ribozyme 嵌合基因对酶基因表达的影响.....        | 扈延茂 (10-4) |
| 39470371 | Nodal 基因的表达及其调控的研究.....               | 周迅雷 (10-4) |
| 39470372 | 小麦Rht12 基因导入小黑麦的研究.....               | 吕知敏 (10-5) |
| 39470373 | 谷子三体无性系的建立及其在遗传分析中应用的研究....           | 王润奇 (10-5) |
| 39470374 | 莲胚子叶淀粉质体DNA、核糖体-rRNA 特性的研究.....       | 孙德兰 (10-5) |
| 39470375 | 利用四倍体高粱远缘杂种的花药培养快速转移外源基因...           | 罗耀武 (10-6) |
| 39470376 | 建立空梭质粒/基因小鼠突变检测系统的实验研究.....           | 傅继梁 (10-6) |
| 39470377 | 作物种质资源遗传分类和评价方法的研究.....               | 朱军 (10-6)  |
| 39470378 | 三体细胞中基因座同源转移现象的研究.....                | 张延璧 (10-7) |
| 39470379 | 多个数量性状基因图谱的联合构建及其应用.....              | 姜长鉴 (10-7) |
| 39470380 | 猪MHS 遗传规律及抗MHS 育种方案的基础研究.....         | 张沅 (10-7)  |
| 39470381 | 秦岭果蝇的起源发生和进化遗传学研究.....                | 张文霞 (10-8) |
| 39470382 | 鼠伤寒沙门氏菌嘌呤生物合成调控研究: PURbox 突变分析        | 王教全 (10-8) |
| 39470383 | 中国与邻国不同人群间遗传关系的研究.....                | 金锋 (10-8)  |
| 39470384 | 中国人HLA 纯合细胞DR、DQ基因启动子区多态性研究....       | 陆佩华 (10-9) |

|                                               |             |
|-----------------------------------------------|-------------|
| 39470385 中国人突变细胞库.....                        | 戴和平 (10-9)  |
| 39470386 无性细胞瘤患者遗传学分析和癌变分子机理研究.....           | 郭征 (10-9)   |
| 39470387 应用微卫星多态标记进行喉癌抑癌基因的定位.....            | 孙开来 (10-10) |
| 39470388 $\beta$ 珠蛋白基因-530基序的变异对其基因表达的影响..... | 陈美珏 (10-10) |
| 39470389 生殖细胞不同发育期内污染核素辐照的遗传物质调控研究            | 朱孝彭 (10-10) |
| 39470390 珠蛋白基因反式调节因子在整体内作用的研究.....            | 梁植权 (10-11) |
| 39470391 倍性水平对无融合生殖发生及其在进化中作用的影响.....         | 蔡得田 (10-11) |
| 39470392 黄鳝二价染色体上遗传标记作图.....                  | 余其兴 (10-11) |
| 39470393 吡啶甘油磷酸合成酶基因的分子生物学研究.....             | 李家洋 (10-12) |
| 39470394 早幼粒细胞白血病锌指蛋白基因的克隆和全序列分析.....         | 陈兰 (10-12)  |
| 39470395 依赖链霉菌分化关键基因WhiG的两个启动子调控机理研究          | 谭华荣 (10-12) |
| 39470396 木质素过氧化物酶基因家族的研究.....                 | 张义正 (10-13) |
| 39470397 组蛋白与启动子序列的相互作用及在转录中的作用.....          | 黄百渠 (10-13) |
| 39470398 核衣壳基因的表达调控及杆状病毒系统进化模型的研究...          | 齐义鹏 (10-13) |
| 39470399 一种外源基因导入植物的新方法—微束激光穿刺法的研究            | 王兰岚 (10-14) |
| 39470400 羊发情特异糖蛋白基因结构与功能的研究.....              | 陈清轩 (10-14) |
| 39470401 抗赤霉病蛋白酶抑制剂cDNA的克隆和鉴定.....            | 曾仲奎 (10-14) |
| 39470402 外源基因在转基因植物内遗传规律的研究.....              | 温子江 (10-15) |

项目编号: 39400070

负责人: 兰宏

项目名称: 中国主要猪品种遗传多样性及起源分化研究

单位: 中国科学院昆明动物研究所

内容摘要:

以线粒体DNA限制性片段长度多态性、随机扩增多态DNA、蛋白质电泳等三种分子群体遗传学方法, 深入研究我国家猪及其野生近缘种的遗传多样性, 建立主要品种的遗传标记, 阐明土著品种的起源和遗传分化, 寻找具有特殊遗传背景的特有、稀有品种, 提出应予重点保护的對象, 为我国猪遗传资源的保护和开发利用提供基础资料。

项目编号: 39400071

负责人: 赖淑苹

项目名称: 中国西北地区主要民族HLA 基因多态性的研究

单位: 西安医科大学

内容摘要:

人类白细胞抗原(HLA)等位基因显性多态系统是群体遗传学最佳观察指标之一。拟采用先进的非同位素微量反向打点杂交一次多探针特异性寡核苷酸链序列分型技术, 对中国西北地区各主要民族进行HLA II类基因多态性的遗传学调查, 建立基因多态性标准图谱, 旨在完善我国体质人类学研究资料, 为异基因骨髓移植的免疫学研究; 法医学亲子鉴定、个别识别的群体资料建立提供科学依据。

项目编号: 39400072

负责人: 杨友云

项目名称: 人 $\beta$ 珠蛋白基因5' 旁侧-814bp上游新转录调控元件研究

单位: 湖南医科大学

内容摘要:

应用DNA重组、基因转移和稳定表达系统等技术鉴定人类 $\beta$ 珠蛋白基因5'旁侧-814bp上游可能存在的新转录调控元件及其活性检测并用凝胶迁移率改变试验和DNase I足迹分析对新转录调控元件进行精确定位, 以进一步阐明人类 $\beta$ 珠蛋白基因表达调控机理、为 $\beta$ 地贫的基因治疗构建高效目的基因奠定基础。

项目编号: 39400073

负责人: 刘宝

项目名称: 通过不对称体细胞杂交将菰部分基因组转移给水稻

单位: 东北师范大学

内容摘要:

菰系水稻近缘属之一, 但与水稻有性杂交不亲合。分别建立菰和水稻的胚性细胞悬浮并分离出原生质体。然后通过不对称体细胞杂交将菰的部分核基因组或胞质基因组转移给水稻获得不对称核杂种、胞质杂种或核质杂种植株。经过进一步选育, 这些杂种植株可望成为水稻育种上重要的基础材料; 并可做为研究禾谷类植物核质基因关系及其遗传规律的实验材料。

项目编号: 39400074

负责人: 张国华

项目名称: 重组DI RNA在植物病毒复制机理研究上的应用

单位: 中国科学院微生物研究所

内容摘要:

缺损干扰RNA (diRNA) 是一类病毒基因组的缺失突变体。它因在病毒感染动植物体内大量复制而干扰、抑制病毒的繁殖。本项目旨在利用分子生物学重组技术构建一系列黄瓜花叶病毒 (CMV) 的人工diRNA, 来分析cmv RNA 复制过程。其主要意义在于: 更进一步解明CMV复制机理, 为开辟一条新的抗植物病毒的途径提供理论基础。

项目编号: 39400075

负责人: 陈素珍

项目名称: 细胞因子的神经调节作用及其分子机理研究

单位: 复旦大学

内容摘要:

利用分子生物学方法, 研究白血病抑制因子 (LIF) 对神经细胞生长、分化、发育和凋亡的作用及其分子机理。旨在揭示神经系统发育、分化过程中细胞因子的作用。开展此项研究, 不仅可阐明LIF在神经发育分化中的作用, 而且可望在细胞因子与神经系统发育的研究中开辟新的领域。

项目编号: 39400076

负责人: 秦松

项目名称: 海带模式转化系统的建立以及转藻胆蛋白基因海带的培育

单位: 中国科学院海洋研究所

内容摘要:

我国重要的经济栽培海藻, 已成为高产、稳产的海洋作物。其种质的主要问题在于总蛋白和某些必需氨基酸含量较低。本研究旨在建立海带的模式转化系统, 研究外源基因导入、整合与表达, 发展海藻转基因手段建立选择标记。在此基础上导入本实验室克隆的钝顶螺旋藻藻蓝蛋白基因, 培育转藻胆蛋白基因海带, 探索蛋白质改良的可能性, 为基因工程育种提供依据, 开拓植物基因工程的新领域。

项目编号: 39460034

负责人: 苏晓庆

项目名称: 大链壶菌细胞核的初步研究

单位: 贵阳医学院

内容摘要:

大链壶菌是有开发前景的灭蚊真菌, 拟采用组织化学、荧光染色和脉冲电场凝胶电泳等技术, 从细胞水平对大链壶菌进行遗传学的初步研究, 了解其细胞核数目、形态和位置以及电泳核型, 以便积累资料, 为将来采用遗传工程培养和创造能适应多种生态环境的不同菌株打下基础。

项目编号: 39460035

负责人: 张辉

项目名称: 显性核不育亚麻遗传规律的研究

单位: 内蒙古农业科学院

内容摘要:

植物雄性不育及杂种优势利用是我国农业科学中倍受重视的研究领域, 显性雄性核不育亚麻在国内外尚属首例。本项研究旨在多年研究的基础上, 对核不育亚麻不育体系的遗传规律做深入研究, 阐明其核不育机制, 为开展亚麻杂种优势利用提供科学依据。这不仅为亚麻育种开辟一条崭新的途径, 而且对于丰富核不育理论具有重要的意义。

项目编号: 39460036

负责人: 李牧尧

项目名称: 维吾尔族家族性XY真两性畸形SRY 基因的研究

单 位: 新疆医学院

内容摘要:

人类的性别决定一直是悬而未决, 令人关注的问题, S R Y基因被认为是哺乳类的睾丸决定基因, 但也有人确信性别非单一基因决定。本项目试图通过一个维吾尔族X Y真两性畸形家系的S R Y基因(位于Y染色体)和S R V X基因(位于X染色体)的分析探讨是否存在Y染色体以外的性决定基因及基因突变在性分化过程中的作用。此项工作对从分子水平认识性分化机理和诊断性分化异常病人均有一定意义。

项目编号: 39460037

负责人: 扈廷茂

项目名称: 反义-Ribozyme 嵌合基因对酶基因表达的影响

单 位: 内蒙古大学

内容摘要:

研究蕃茄1-氨基环丙烷羧酸(A C C)合成酶的反义RNA和核酸拟酶的复合基因的合成及其对A C C合成酶mRNA的抑制作用, 这将对延缓和控制蕃茄果实的成熟和储运具有重大应用价值和经济效益, 同时对核酸拟酶在蕃茄细胞内作用的研究是非常有益的探索。

项目编号: 39470371

负责人: 周迅蕾

项目名称: Nodal 基因的表达及其调控的研究

单 位: 北京大学

内容摘要:

N o d a l 是在小鼠中新发现的一个基因, 它在小鼠胚胎发育的原肠胚期起着重要的作用。N o d a l 基因的纯合突变可引起小鼠胚胎7. 5天内、外胚层过度增殖、中胚层不形成、胚胎随即死亡。我们希望通过构建不同的缺失体, 利用L u c i f e r a s e或C a t 报告基因来寻找N o d a l 基因的顺式调控元件。为进一步研究其反式调控因子、揭示各种与中胚层形成有关的基因之间的相互关系打下基础。

项目编号: 39470372

负责人: 吕知敏

项目名称: 小麦Rht12 基因导入小黑麦的研究

单 位: 中国农业科学院作物育种栽培研究所

内容摘要:

将冬小麦Karcag矮秆突变体位于5A染色体上的显性矮秆单基因Rht12(已有四个等基因系材料), 通过与八倍体小黑麦(有丰富的八倍体小黑麦资源)杂交、回交及染色体数镜检和田间选择, 导入八倍体小黑麦并选出染色体数56且带有Rht12基因的矮秆八倍体小黑麦。研究和评价该基因对小黑麦籽粒饱满度、产量性状的影响和应用前景, 并为八倍体小黑麦育种创造新矮源。

项目编号: 39470373

负责人: 王润奇

项目名称: 谷子三体无性系的建立及其在遗传分析中应用的研究

单 位: 河北省农林科学院谷子研究所

内容摘要:

谷子耐旱耐瘠薄, 营养丰富, 但是基础研究薄弱, 尚未进行基因定位。本研究拟建立谷子三体无性系以减少复杂的鉴定工作, 加快三体的繁殖和应用。利用三体进行蛋白和同工酶电泳, 研究额外染色体的剂量效应。以初级三体分析法进行基因定位和原位杂交研究, 将加快谷子基因定位, 对提高育种水平及开展染色体工程等具有重要意义。

项目编号: 39470374

负责人: 孙德兰

项目名称: 莲胚子叶淀粉质体DNA、核糖体-rRNA特性的研究

单 位: 中国科学院植物研究所

内容摘要:

对淀粉体DNA和叶绿体DNA核苷酸序列分析, 比较二种质体DNA序列的差异。对淀粉体及细胞质rRNA进行分离和分析, 对其理化性质提供相应数据, 将淀粉体RNA与核DNA和质体DNA进行分子杂交, 拟确定质体RNA的来源。将在质体蛋白质的合成; 细胞质遗传和核质关系方面的研究意义重大。

项目编号: 39470375

负责人: 罗耀武

项目名称: 利用四倍体高粱远缘杂种的花药培养快速转移外源基因

单 位: 河北农业大学

内容摘要:

利用四倍体高粱与约翰逊草杂交, 通过后代花药培养, 快速创建二倍体高粱的异代换系和易位系。本研究用于应用了自己创造的四倍体不育系和远缘杂种, 以及利用四倍体花药培养可以不经加倍直接从当代获得二倍体的特点, 可以有效地加快获得新种质的过程。结果将会给转移外源基因找到快速有效的途径。

项目编号: 39470376

负责人: 傅继梁

项目名称: 建立空梭质粒/基因小鼠突变检测系统的实验研究

单 位: 中国人民解放军第二军医大学

内容摘要:

将载有诱变靶基因的穿梭质粒导入小鼠受精卵获得相应的转基因小鼠实验品系。经诱变剂处理后, 从不同器官的基因组DNA中回收经处理的靶基因并转入原核寄主细胞, 作定性和定量的诱变分析。借以阐明小鼠整体、接触诱变剂后各器官在DNA损伤、损伤修复和突变固定等方面的差异, 并由此逐步建立既以整体动物为背景, 又在DNA一级结构水平上操作的突变检测系统。

项目编号: 39470377

负责人: 朱军

项目名称: 作物种质资源遗传分类和评价方法的研究

单 位: 浙江农业大学

内容摘要:

用混合线性模型分析原理和蒙特卡罗模拟方法, 提出作物种质资源遗传材料的基因型值, 并分析群体的遗传关系; 将总遗传方差分解为群体不同类别层次的遗传变异分量; 分析棉花种质资源材料的试验资料认识现有种质资源库遗传变异的现状; 列出可供剔除的重复样品, 提出“核心资源”的统计指标和征集方案。

项目编号: 39470378

负责人: 张廷璧

项目名称: 三体细胞中基因座同源转移现象的研究

单 位: 武汉大学

内容摘要:

一般在微量辐射影响下, 三体细胞中三个同源染色体之间有更多的断-融-桥出现, 通过激体-解离有更多的异染色质片断游离形成转座子。发现由此在水稻染色体间形成一部分基因座的转移和重复, 结果形成大穗, 大粒等高产性状。拟确证并研究这种现象为高产育种提供依据。

项目编号: 39470379

负责人: 姜长鉴

项目名称: 多个数量性状基因图谱的联合构建及其应用

单 位: 江苏农学院

内容摘要:

提出联合构建多个数量性状基因图谱的统计方法, 用于深入分析基因表达和性状遗传, 例如基因的多效性、- 因多效和紧密连锁的区分、数量性状基因与环境的互作等。有关的计算机程序可用于模拟试验和实际资料的分析, 并为利用分子标记研究数量性状的试验设计、样本容量和标志基因确定等提供理论依据和选择方案。

项目编号: 39470380

负责人: 张沅

项目名称: 猪MHS 遗传规律及抗MHS 育种方案的基础研究

单 位: 北京农业大学

内容摘要:

拟通过对几个品种猪的恶性高温综合症(MHS)的遗传规律和分子遗传检测方法的研究, 探索规范化MHS基因检测程序, 分析MHS基因在猪群中的分布以及与主要经济性状的连锁关系, 研究在结合MHS基因检测并以MHS基因为主效基因进行辅助选择的优化育种方案的理论基础。对深入开展猪遗传理论研究和高效育种实践有重要促进意义。

项目编号: 39470381

负责人: 张文霞

项目名称: 秦岭果蝇的起源发生和进化遗传学研究

单位: 中国科学院昆明动物研究所

内容摘要:

研究地处东洋区与古北区分水岭的秦岭地区果蝇物种的起源进化模式, 以源于秦岭的 *D. immigrans* 种亚组的果蝇为材料, 运用  $Mt-DNA$  的 RFLP 以及 DNA 分子杂交等分子生物学手段, 采用最新的支序分析和数值分析方法, 从分子水平上探讨其起源进化机制, 为丰富发展果蝇物种的进化遗传学理论作贡献。

项目编号: 39470382

负责人: 王教全

项目名称: 鼠伤寒沙门氏菌嘌呤生物合成调控研究: PURbox 突变分析

单位: 中国科学院微生物研究所

内容摘要:

采用多种诱变剂分离鼠伤寒沙门氏菌 *purJHD* 的 *Oc* 突变体 (10 个以上), 通过测定调控区的核苷酸序列作 *Oc* 突变位点分析, 搞清 1, *PURbox* 中那些碱基突变导致 *purJHD* 操纵子 *Oc* 突变; 2, *Oc* 突变位点在 16 bp 中的分布; 3, 是否存在 *PURbox* 以外的 *O* 突变。此项研究对在蛋白质和 *PURbox* 相互作用水平上进一步阐明嘌呤生物合成基因表达调控机制有重要意义。

项目编号: 39470383

负责人: 金锋

项目名称: 中国与邻国不同人群间遗传关系的研究

单位: 中国科学院遗传研究所

内容摘要:

黄种人在亚洲大陆分布有明显的南北方不同的特点。这一特点的形成和人群的迁移、分化、不同族群间亲缘关系等仅由社会科学方法无法定论。本研究将通过与日本和俄国有有关部门合作, 用多位点等位基因和遗传距离和测算等自然科学手段来探讨中国不同人群与其邻近国家的主要人群间相互血缘关系及遗传结构。同时有助加强与先进国家的科技交流。

项目编号: 39470384

负责人: 陆佩华

项目名称: 中国人HLA 纯合细胞DR、DQ基因启动子区多态性研究

单 位: 上海第二医科大学

内容摘要:

采用核苷酸顺序分析等, 对中国人HLA纯合细胞作DR和DQ基因启动区多态性分析。由于这些细胞带有中国人特有的DW抗原, 研究结果将揭示中国人II类基因启动子区多态性的特点, 为有关研究提供理论依据。启动子区多态性是90年代国际HLA研究的前沿, 它为疾病关联研究打开了新思路, 将使HLA研究跃上一个新台阶。

项目编号: 39470385

负责人: 戴和平

项目名称: 中国人突变细胞库

单 位: 湖南医科大学

内容摘要:

遗传病家系成员细胞株的收集与保存, 是克隆该遗传病基因的基础, 本研究旨在以EB病毒转化的淋巴母细胞株的为主要技术, 广泛收集国际上尚未克隆其相关基因的遗传病家系, 建立中国人突变细胞库和数据库, 为国内外合作克隆其致病基因收集和提供材料。

项目编号: 39470386

负责人: 鄂征

项目名称: 无性细胞瘤患者遗传学分析和瘤变分子机理研究

单 位: 北京市肿瘤防治研究所

内容摘要:

无性细胞瘤(DGM)为常见性腺癌症, 以XY女性性腺发育不全发病率最高; XY女性主要由于Y染色体的男性决定基因SRY畸变所致。探测DGM患者遗传型、SRY基因畸变及其类型、H-Y抗原和与DGM的相关性, 可能查出DGM的发生机制。本研究将对35例DGM患者, 在遗传、病理和染色体的检测基础上, 拟用SRY探针杂交和rFLP等分子细胞学技术检测XY女性发生癌变是否与SRY丢失畸变累及SRY上下游序列有关。

项目编号: 39470387

负责人: 孙开来

项目名称: 应用微卫星多态标记进行喉癌抑癌基因的定位

单位: 中国医科大学

内容摘要:

通过聚合酶链反应技术检查定位于染色体 3 P、9 P 和  $\beta$  q 的微卫星多态标记, 进行杂合性丢失分析, 确定喉癌中上述染色体区域缺失的频率和最小重叠范围, 精细定位抑癌基因, 为进一步通过定位克隆技术或候选基因方法分离、鉴定抑癌基因奠定基础。有可能发现新的抑癌基因, 还有助于阐明喉癌发生的分子机理, 探索其基因诊断和治疗途径。

项目编号: 39470388

负责人: 陈美珏

项目名称:  $\beta$  珠蛋白基因-530基序的变异对其基因表达的影响

单位: 上海市儿童医院

内容摘要:

应用 DNA 测序方法, 分析 100 例中国人常见 6 种  $\beta$  地贫患者及正常人的  $\beta$  珠蛋白基因 - 530 基序的变异情况, 以阐明  $\beta$  地贫症状表现差异与  $\beta$  珠蛋白基因单体型的关系, 继而应用 mRNA 分析技术和 DNA 蛋白质结合分析技术, 研究 - 530 基序的变异对其基因表达的遗传机制和地贫的分子诊断和治疗提供科学依据。

项目编号: 39470389

负责人: 朱寿彭

项目名称: 生殖细胞不同发育期内污染核素辐照的遗传物质调控研究

单位: 苏州医学院

内容摘要:

研究生殖细胞不同发育期受  $\alpha$  核素  $^{235}\text{U}$  或  $\beta$  核素  $^{147}\text{Pm}$  内照射的遗传物质 DNA 链修复和非程序 DNA 合成功能改变, 探讨其调控作用的阈值, 同时通过基因突变和染色体畸变观察, 探究上述不同辐射体核素诱发精子畸形和显性致死以及显性骨骼畸形效应。从而为制订保障人类及其后代健康的摄入量限值提供依据, 用于放射防护标准制定和核能利用的卫生保健评价。

项目编号: 39470390

负责人: 梁植权

项目名称: 珠蛋白基因反式调节因子在整体内作用的研究

单 位: 中国医学科学院基础医学研究所

内容摘要:

通过探讨整体内珠蛋白基因簇中位点控制区(LCR)、启动子、增强子与反式调节因子间的作用规律,揭示整体水平上蛋白质因子-DNA结合作用对珠蛋白基因表达的影响,阐明红系细胞分化、发育中基因阶段特异性表达与蛋白因子-DNA结合的相互关系。

项目编号: 39470391

负责人: 蔡得田

项目名称: 倍性水平对无融合生殖发生及其在进化中作用的影响

单 位: 华中农业大学

内容摘要:

无融合生殖涉及生物进化根本原理。传统观念认为无融合生殖是一种退化,但申请者研究出它是促进生物进化的重要因子。本项目是验证该理论的实验之一。以无融合生殖与多倍体化为关键,确定早熟禾三物种的倍性和生殖方式,构建不同倍性株系、三倍体、B IV杂种、总结其对无融合生殖和进化的影响。该结果将对无融合生殖理论和育种研究起重要的推动作用。

项目编号: 39470392

负责人: 余其兴

项目名称: 黄鳝二价染色体上遗传标记作图

单 位: 武汉大学

内容摘要:

拟在我们首创的鱼类粗线期二价染色体G带显带技术基础上,构建和完善黄鳝二价染色体G带标准模式图,并以原位杂交的基因定位技术、染色体原位缺口平移技术、引物原位延伸标记技术和脆性部位检测等技术,在模式图上绘制多种遗传标记位点的基本框架图,建立鱼类基因组结构研究的制图模型。

项目编号: 39470393

负责人: 李家洋

项目名称: 吡啶甘油磷酸合成酶基因的分子生物学研究

单 位: 中国科学院遗传研究所

内容摘要:

植物生长素吡啶乙酸是调控植物生长发育最重要的植物激素。但其作用机理、合成途径及调节控制仍是未解决的关键问题。最近的证据显示植物中生长素的合成途径与细菌的有着重大差异。在植物中, 吡啶甘油磷酸合成酶可能是位于生长素与色氨酸合成途径调节控制的分枝点, 因此, 要阐明植物生长素合成途径与调控, 该酶的分子生物学研究是至关重要的。

项目编号: 39470394

负责人: 陈竺

项目名称: 早幼粒细胞白血病锌指蛋白基因的克隆和全序列分析

单 位: 上海第二医科大学

内容摘要:

大规模DNA顺序测定是研究人类基因组结构和功能的主要技术之一。拟通过对早幼粒细胞白血病锌指蛋白(PLZF)这一新基因的基因组DNA克隆以及顺序测定, 阐明其编码及调控顺序, 以及在白血病中发生重组的分子机制, 并以此为模型, 在我国建立一套适合于对约100kb的DNA片段进行快速测序的战略和策略, 为进一步大规模基因组DNA测序奠定基础。

项目编号: 39470395

负责人: 谭华荣

项目名称: 依赖链霉菌分化关键基因WhiG的两个启动子调控机理研究

单 位: 中国科学院微生物研究所

内容摘要:

已克隆的两个启动子PTH4和PTH270依赖天蓝色链霉菌分化的关键基因-whiG, 并调控气生菌丝到孢子形成的发育转变。序列分析表明两个启动子的开读框架(ORF)区域内无终止密码子, 在已知的蛋白文库比较中未找到与此同源的蛋白。两个启动子所控制的基因要解决的关键问题。因此开展启动子下游序列的克隆, 序列分析及基因功能的研究具有非常重要的意义。

项目编号: 39470396

负责人: 张义正

项目名称: 木质素过氧化物酶基因家族的研究

单 位: 四川大学

内容摘要:

将利用脉冲场凝胶电泳、限制酶原位酶切、核酸杂交和染色体巡查等方法对白腐丝状真菌黄孢平革菌的染色体数目、木质素过氧化物酶基因家族的结构进行研究,以期获得这些基因的连锁图;反向聚合酶链式反应将用于研究不同木质素过氧化物酶基因的表达。该项目对于阐明低等真核生物基因家族结构和基因表达调节控制间的关系具有重大的理论意义。

项目编号: 39470397

负责人: 黄西渠

项目名称: 组蛋白与启动子序列的相互作用及在转录中的作用

单 位: 东北师范大学

内容摘要:

真核细胞基因转录的启动和调节涉及到一系列转录因子与启动子序列的相互作用。组蛋白也通过与启动子DNA的结合对基因及其上游序列的构型和转录活性产生影响,但目前对其作用机制和细节尚不清楚。本课题的目的是探讨各种组蛋白对人肿瘤细胞gp78基因启动子序列的结合及其对转录的影响,为进一步研究组蛋白和DNA相互作用对基因调控的影响提供有用的信息。

项目编号: 39470398

负责人: 齐义鹏

项目名称: 核衣壳基因的表达调控及杆状病毒系统进化模型的研究

单 位: 武汉大学

内容摘要:

昆虫杆状病毒(IBV)核衣壳蛋白基因(VP39)兼具早、晚、迟晚期基因特点,多角体蛋白基因(ocu)是IBV重要的晚期高表达高保守基因。通过序列分析,绘制多种IBV这两个基因的系统进化树,通过对VP39基因的修饰、克隆、其转染和报道基因neo的表达研究其高效表达的调控机制、为IBV间的亲缘关系、种的分类、系统进化和调控机制提供模型。学术思想新颖,基础性强,有特色和创新。

项目编号: 39470399

负责人: 王兰岚

项目名称: 一种外源基因导入植物的新方法——微束激光穿刺法的研究

单位: 中国科学院遗传研究所

内容摘要:

通过微束激光穿刺术将外源基因导入植物细胞中, 并使其整合到植物基因组中, 以获得稳定表达的转基因植物。从而建立一个高效、简易、快速、重复性高、适用性广的不依赖于基因型的植物转化系统。同时, 深入揭示激光对植物细胞及细胞器的作用原理, 把激光技术应用推广到植物基因工程领域。对农业生物技术的研究和发展具有一定的现实意义。

---

项目编号: 39470400

负责人: 陈清轩

项目名称: 羊发情特异糖蛋白基因结构与功能的研究

单位: 中国科学院发育生物学研究所

内容摘要:

将构建羊发情特异糖蛋白的 cDNA 文库和基因文库, 分离其全长的 cDNA 片段和完整的基因, 进行序列分析, 研究其结构特点。同时构建表达质粒, 用基因工程的方法生产该蛋白, 将纯化的产品用于生理功能的研究。目的在于阐明羊发情特异糖蛋白的基因结构, 从而改进羊的体外受精和胚胎的体外培养提供必要的理论指导。

---

项目编号: 39470401

负责人: 曾仲奎

项目名称: 抗赤霉病蛋白酶抑制剂 cDNA 的克隆和鉴定

单位: 四川大学

内容摘要:

应用我室研究的小麦赤霉病菌有强抑制作用的巯基蛋白酶抑制剂和丝氨酸蛋白酶抑制剂为目标蛋白, 测定部分氨基酸序列并建立 cDNA 文库, 测定 cDNA 全序列, 将 cDNA 在酵母中进行表达, 与天然巯基酶和丝氨酸酶抑制剂比较, 为获得抗赤霉病的转基因小麦打下基础。这种利用植物体的免疫性防治病虫害, 是当今植物病虫害防治研究中的一个新课题。

---

项目编号: 39470402

负责人: 温孚江

项目名称: 外源基因在转基因植物内遗传规律的研究

单 位: 山东农业大学

内容摘要:

外源基因连锁和不规则遗传是制约基因工程在农业上应用的两大因素。本研究将以水稻及烟草为供试材料以 *gusA* 和 *neo* 基因为外源基因, 用各种生物技术, 研究植物基因工程中常见的外源基因不规则遗传及基因连锁遗传的原因、机制及影响因素。这将为了解外源基因的整合行为和解决基因工程中外源基因不规则遗传及基因连锁等提出重要的理论根据。

---