

THE FOURTH WAVE BIOLOGY ECONOMY

封展旗 编著
杨同卫

第四次浪潮 生物经济

经济管理出版社

第四次浪潮：生物经济

封展旗 杨同卫 编著

经济科学出版社

主 审:赵庆波
责任编辑:孟莎莎
版式设计:蒋 方
责任校对:超 凡

图书在版编目(CIP)数据

第四次浪潮:生物经济/封展旗、杨同卫编著. —北京:经济管理出版社,2002

ISBN7-80162-376-2

I . 第... II :①封...②杨... III . 生物技术—技术经济
IV . F062.4

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2002)第 015412 号

第四次浪潮:生物经济

封展旗 杨同卫 编著

出版:经济管理出版社

(北京市新街口六条红园胡同 8 号 邮编:100035)

发行:经济管理出版社总发行 全国各地新华书店经销

印刷:北京中租胶印厂

880×1230 毫米 1/32 16 印张 440 千字

2002 年 4 月第 1 版 2002 年 4 月北京第 1 次印刷

印数:1—6000 册

ISBN 7-80162-376-2/F·360

定价:30.00 元

·版权所有 翻印必究·

凡购本社图书,如有印装错误,由本社发行部负责调换。

通讯地址:北京阜外月坛北小街 2 号 邮编:100836

联系电话:(010)68022974

前 言

近代科技史表明,每一次重大的科学发现和技术创新,都使人们对客观世界的认识产生一次飞跃;每一次技术革命浪潮的兴起,都使人们改造自然的能力和推动社会发展的力量提高到一个新的水平。生物技术的新发展,已经打破了生物的种间、属间甚至界间的界限,使人类进入了按自己的需要创造生物新品种的伟大时代。

自从人类基因组草图的绘制工作宣告完成以来,生命科学届时不仅会在自身奥秘的探索中跃上一个崭新的台阶,而且势必创造出可以长期获取超额利润的市场机会,人类发展史上又一次伟大的技术和产业革命即将来临。信息技术只是改变人的生活方式等外围的东西,而生物技术不仅能改变外部环境,也能改变人的自身。自从人类有历史记载以来,生物技术对人类生活的影响是最大的。21 世纪,生物技术将渗透到人们生活中的各个角落,而农业、制药、保健和能源等行业将是率先被生物经济渗透的产业。

本书系统、完整又生动有趣地展示了生物技术在农业、制药、芯片、能源、环保等领域的广泛应用;重点预测、分析了生物技术在上述领域的广阔市场前景和巨大商业价值,进而论证、揭示了生物经济成为 21 世纪主导经济已是不可阻挡的发展趋势。生物技术和基因工程作为 21 世纪新的经济拉动力和增长点,将通过引发传统农业、制药、保健和芯片等行业的革命而产生一大批与之相关的支柱产业,它们将逐渐取代信息经济而成为经济新的主导。一个全新的、改变人类自身生命存在的生物经济时代即将到来。

生物技术革命已将生物经济历史性地推向了世界经济的舞台,本书对生物经济的价值、意义以及辉煌灿烂的前景,尤其是生物经济对世

界经济和人类进程中又一里程碑意义的重大影响,进行了详细的描述和分析,将充满传奇、神秘色彩和无限美好的生物经济充分展现在人们面前。使人们对 21 世纪经济的主旋律、高新技术的主角有所认识、把握并获启迪。

同时,本书将生物经济与信息经济、知识经济进行对比分析,提出自己独到的观点:信息经济只是知识经济的萌芽和初步发展阶段,而生物经济则是知识经济的成长和充分发展阶段。知识经济作为人类继农业经济、工业经济之后的第三种经济形态,其巨大的优越性及辉煌的创造性会在生物经济中充分展现出来。生物经济在 21 世纪会取代信息经济成为 21 世纪经济的主旋律。

本书还描述了愈演愈烈的国际基因争夺战,并深刻分析了基因争夺战的实质,提出了发展中国生物经济的重大意义和对策。

本书特色:语言生动、流畅,思维严谨缜密,论证较深刻、透彻。

本书读者对象为经济管理工作、科技工作者和高校师生。同时本书也可作为科学学研究、未来学研究的参考书。

本书选题既可作为生物技术科普读物,又可作为经济、政策研究辅助材料,对于提高读者的生物技术知识,提高对生物经济的认识,增强发展生物经济的紧迫感有意义和价值。

本书立足于当今生物科技发展前沿,对生物科技的发展走向进行了全方位的分析、探索。材料新、观点鲜明、前瞻性强是本书的特色。本书对最新生物技术的介绍简明扼要、通俗易懂、生动有趣。对生物经济前景的展望细致严谨、丝丝入扣、扣人心弦。对生物政策的研究,即立足于中国现实,又总揽全球,提出的政策建议适宜、有效,有较高的参考价值。



封展旗，女，32岁，江苏沛县人。1998年西安交通大学硕士研究生毕业，山东电力研究院经济管理研究所副教授，从事科研、教学工作。在中央级核心期刊发表《网络营销：企业的策略选择》等论文十余篇。



杨同卫，男，31岁，山东菏泽人。1999年西安交通大学硕士研究生毕业，山东大学医学院讲师，目前正在攻读西安交通大学管理学院博士学位。在中央级核心期刊发表论文十余篇。

主 审 赵庆波

责任编辑 孟莎莎

目 录

第一章 人类基因组计划	(1)
第一节 人类基因组计划产生的背景与任务.....	(2)
第二节 人类基因组计划的进展情况.....	(7)
第三节 中国是如何跻身国际生命科学这一前沿的.....	(15)
第四节 “1%”项目的意义与弹冠相庆时的沉重思考	(25)
第二章 生物技术与人类健康	(32)
第一节 基因诊断.....	(33)
第二节 基因治疗.....	(43)
第三节 人体器官复制与再生.....	(61)
第四节 基因改良.....	(69)
第五节 人类长命千岁不是梦.....	(71)
第三章 生物技术与农业	(84)
第一节 转基因作物.....	(85)
第二节 转基因植物趣话.....	(106)
第三节 植物快速繁殖生物技术.....	(112)
第四节 生物农药.....	(118)
第五节 生物技术与畜牧业.....	(128)
第六节 农业生物技术的市场前景与商业价值.....	(147)
第七节 国内外的农业生物技术发展状况.....	(151)
第四章 生物制药	(163)

第一节	生物制药概念与特征·····	(164)
第二节	生物制药分类·····	(169)
第三节	生物制药的应用·····	(186)
第四节	生物制药的前景与商业价值·····	(190)
第五节	国内外生物制药发展状况·····	(202)
第五章	生物芯片·····	(221)
第一节	生物芯片的概念与类型·····	(222)
第二节	生物芯片的应用·····	(228)
第三节	生物芯片的市场前景与商业价值·····	(247)
第四节	国外基因芯片发展情况·····	(254)
第五节	中国基因芯片的研究现状与发展策略·····	(259)
第六章	生物技术与能源·····	(278)
第一节	生物质能·····	(279)
第二节	未来新能源·····	(315)
第三节	中美可再生能源政策比较与分析·····	(318)
第四节	国内外生物质能利用现状·····	(326)
第五节	中国能源面临的问题与能源发展规划要点·····	(330)
第七章	生物技术与环境保护·····	(335)
第一节	水污染治理生物技术·····	(337)
第二节	生物技术净化大气·····	(342)
第三节	生物技术处理固体垃圾·····	(347)
第四节	基因工程与治理污染·····	(354)
第五节	生物修复技术·····	(361)
第八章	生物技术与国家安全·····	(363)
第一节	生物技术与生物战·····	(363)

第二节	生物技术与军事指挥系统·····	(365)
第三节	生物技术与武器装备·····	(366)
第四节	生物技术与战场救护·····	(367)
第五节	生物技术与保障供给·····	(368)
第九章	基因争夺战:硝烟弥漫·····	(371)
第一节	日本与美国基因争夺的第一个回合·····	(371)
第二节	美欧日“基因战”进入第二个回合·····	(374)
第三节	基因争夺战实质分析·····	(378)
第四节	中国:绝不是基因争夺战的轻松旁观者·····	(386)
第十章	迎接第四次浪潮:生物经济·····	(395)
第一节	知识及知识经济的特征·····	(395)
第二节	生物经济是典型的知识经济·····	(402)
第三节	21 世纪是生物经济世纪·····	(408)
第十一章	发展生物经济的意义与历史机遇·····	(422)
第一节	中国先进的农业经济造就了古代历史的辉煌·····	(422)
第二节	中国工业经济的落后,写就了屈辱的近代史·····	(425)
第三节	中国如果在生物经济时代落后,21 世纪的历史 将如何·····	(432)
第四节	中国如果站在生物经济的前沿,21 世纪的历史 将如何·····	(452)
第五节	中国发展生物经济的战略·····	(471)
第六节	中国发展生物经济的对策·····	(478)
参考书目	·····	(499)
后记	·····	(500)

第一章 人类基因组计划

自从人类社会诞生以来，人类就没有停止过对自身的思考。人类在探索、认识世界的过程中也不断地提高对人类自身的认识。古代的医学发现，近代的遗传学说、进化论的确立，为人类更完全地认识自己奠定了坚实的基础。随着人类在其他科技方面取得的巨大成功，生命科学的研究也越来越深入到了生命的本质奥秘中。

人类的遗传信息以核苷酸顺序的形式贮存在 DNA 分子中，它们以功能单位在染色体上占据一定的位置，构成基因。基因是 DNA（脱氧核糖核酸）分子上具有遗传效应的特定核苷酸序列的总称，是具有遗传效应的 DNA 分子片段。基因位于染色体上，并在染色体上呈线性排列。基因不仅可以通过复制把遗传信息传递给下一代，还可以使遗传信息得到表达。不同人种之间头发、肤色、眼睛、鼻子等不同，是基因差异所致。

人类基因组指的是人类遗传信息的总和，包括人类生殖细胞所包含的全部染色体，约有 5 万~10 万个基因，30 亿个碱基对（Pb）或称核苷酸组成，分布在细胞核的 23 对染色体中。如果将人体细胞中 30 亿个碱基对的序列全部弄清，印刷成书，以每页 3000 个印刷符号计，会有 100 万页。其篇幅相当于 13 套大英百科全书，由此可理解 HGP 任务的艰巨性。这套天书蕴藏着人的生、老、病、死的丰富信息，也是科学家们进一步探索生命奥秘的“地图”，其价值难以估量。就其科学价值来说，从基因组水平去研究遗传，更接近生命科学的本来面目，由此还可以带动生物信息学等一批相关学科的形成和发展，带来的经济效益也是难以想象的。

人类基因组计划（Human Gene Project，简称 HGP）旨在阐明人

类基因组 30 亿个碱基对的序列，发现所有人类基因并搞清其在染色体上的位置，破译人类全部遗传信息，使人类第一次在分子水平上全面地认识自我。人类基因组包含着决定人类生、老、病、死以及精神、行为等活动的全部遗传信息。所以，搞清楚核苷酸顺序无疑将对人类最终完全解开遗传之谜提供最直接的帮助。该计划于 1990 年正式启动，这一价值 30 亿美元的计划的目标是，为 30 亿个碱基对构成的人类基因组精确测序，从而最终弄清楚每种基因制造的蛋白质及其作用。打个比方，这一过程就好像以步行的方式画出从北京到上海的路线图，并标明沿途的每一座山峰与山谷。虽然很慢，但非常精确。

人类基因组计划可以说是人类有史以来最为伟大的认识自身的世纪工程。此项计划的实现，将对全人类的健康，生命的繁衍产生无止境的影响。按照设想，碱基对测序完毕之后，科学家将分析碱基对如何组成基因以及各种基因有什么功用等。弄清全部基因的位置、结构和功能，将为人类征服多种疑难病症铺平道路。

第一节 人类基因组计划产生的背景与任务

HGP 是国际生物学界的一项“太空计划”，是对人类智慧的一项挑战。30 亿个碱基对的“读出”，并不是 HGP 的终极目标。它的终极目标应该阐明人类全部基因的位置、功能、结构、表达调控方式以及与致病有关的变异。所以，这本“天书”还应该要“读通”和“读懂”。HGP 对医学的巨大影响只能随着科学家们逐步把它“读通”和“读懂”而显露出来。人类基因组核苷酸顺序的群体多态性也是一个广袤无垠的领域。所以 HGP 研究成果对生命科学基础研究的影响更是长期而深远的。

一、人类基因组计划产生的背景

最早提出人类基因组计划这一设想的，是美国生物学家、诺贝尔奖得主达尔贝科（Renato Dulbecco）。他在 1986 年 3 月 7 日出版的“Science”杂志上发表了一篇题为“肿瘤研究的一个转折点：人类基

因组的全序列分析”的短文，提出包括癌症在内的人类疾病的发生都与基因直接或间接有关，呼吁科学家们联合起来，从整体上研究人类的基因组，分析人类基因组的序列。他率先提出“人类基因组计划”，他说，这一计划可以与征服宇宙的计划相媲美，我们也应该以征服宇宙的气魄来进行这一工作。

Dulbecco 的这一倡议引起了生物界和医学界的热烈讨论，历经两年之久。其高潮是美国科学院研究委员会任命的一个委员会和美国国会技术评估办公室任命的一个委员会综合分析了各方面的意见，分别于 1988 年 2 月和 4 月发表研究报告，支持 HGP 的研究设想，并建议美国政府给予资助。美国国会于 1990 年批准了这一项目，并决定由美国国立卫生研究院（NIH）和能源部（DOE）从 1990 年 10 月 1 日起组织实施。计划耗资 30 亿美元，历时 15 年完成整个研究计划。该项研究计划无论就研究规模、所费财力和社会影响，都可与曼哈顿原子弹计划、阿波罗登月计划相提并论，而且已成为一项国际合作项目。包括欧洲、日本、前苏联、印度、中国在内的几十个国家都相继启动了 HGP 计划。

二、人类基因组计划的总体规划

“人类基因组计划”，预期到 2005 年拿到人体的全部基因序列（共约 30 亿个碱基对全序列）；随后研究其相互作用和基因功能，从而揭开人类全部遗传信息之谜，使人类对自身的认识达到一个新的高度。

表 1—1 美国人类基因组研究 15 年总体规划

年 度	目 标
第一个五年 (1991~1995)	技术上改进 5~10 倍； 作图完成 50%； 测定核苷酸顺序 1%。
第二个五年 (1996~2000)	技术上改进 5~10 倍； 作图完成 100%； 测定核苷酸顺序 10%。
第三个五年 (2001~2005)	测定核苷酸顺序 100%； 找出所有基因。

三、HGP 的任务

HGP 的最终任务是要破译人体遗传物质 DNA 分子所携带的全部遗传信息。完成后将获得四张图：物理图、遗传图、序列图和转录图。前三张图实际上是精确度不同的三张序列图，最后一张图则用来表示 DNA 上哪些核苷酸序列可以编码蛋白质。目前，前三张图谱的完成已有具体的时期和任务指标，而且随着工作的开展和私有企业压力的加大，时间表也在不断提前，例如，原定 2005 年完成的序列图谱已被两次提前，由 2005 年提至 2003 年，再至 2001 年。下面我们介绍一下四张序列图谱。

（一）物理图谱

完整的物理图应包括人类基因组的不同载体 DNA 克隆片段重叠群图，大片段限制性内切酶切点图，DNA 片段（探针）或一段特异 DNA 序列（STS）的路标图，以及基因组中广泛存在的特征性序列等的标记图，人类基因组的细胞遗传学图，最终在分子水平上与序列图的统一。

物理图的基本原理是把庞大的人类基因组先打碎，再拼接，这样就可以随意研究又能够知道研究内容所处的染色体位置。物理图以 Mb、kb、bp 作为图距，以 DNA 探针的 STS 序列为路标。至今已测定了 40000 个以上的 STS，平均图距可达 100kb。因此，整个基因组已被分成具有界标的至少 40000 个小区域。构建物理图谱的一个主要内容是把含有 STS 对应序列的 DNA 克隆片段连接成相互重叠的“片段重叠群（Contig）”。用酵母人工染色体（YAC）作为“载体”的载有人 DNA 片段的文库，已包含了构件总体覆盖率为 100%、具有高度代表性的“片段重叠群”。近几年又发展了可靠性更高的 BAC、PAC 库或 Cosmid 库等。

以 STS 位路标的物理图与已建的遗传图进行对比，可以把遗传学信息和物理信息进行互相转换（如某一区域 1cM 的遗传间距可以粗略的“折算”成某一区域 1cM 的物理间距）。片段重叠群则为研究该区域提供了可以操作的基因组材料，及相互重叠、覆盖这一区域的

DNA 片段,可以在这一区域寻找某一基因或进行这一区域基因组的研究。而作为人类基因组物理图的组成部分的最基本层次的“细胞遗传图”是统一物理图与遗传图的根本之图。

(二) 遗传图谱

遗传图又称连锁图。既然是图,就应在图上设标记,标记越细找到东西就越方便,在过去若干年里,标记已有几次从“粗”演变到“细”。

第一代标记是经典的遗传标记,最初主要是利用蛋白质和免疫学的标记,如 ABO 血型位点标记、HLA 位点标记。但由于已知多态的蛋白质很少,等位基因的数目有限且无法获得足够的信息量和检测技术的烦琐等因素,限制了人类基因组的遗传分析工作,这促使人们开始设法从 DNA 上寻找标记。

20 世纪 70 年代中后期建立起来的限制性片段长度多态性(RFLP)方法在整个基因组中确定的位点数目达到 105 以上,该系统一经建立就广泛应用到基因组的研究中。RFLP 最成功的运用是在发病率较高、病情严重的 Huntington 舞蹈症基因的定位。然而,虽然 RFLP 遍布于整个基因组,可提供的信息量很有限,并且,有时还需用放射性同位素标记的 DNA 片段为探针检测 RFLP,因而又存在着工作环境和费用等问题。

第二代标记称“小卫星中心”(Minisatellite core)和“微卫星标记”(Microsatellite marker),它们分别是 1985 年和 1989 年发现的。“微卫星标记”又称“简短串联重复”(Short Tandem Repeat, STR)。STR 的最重要的优点是高度多态性,所以提供的信息量相对很大;另外,可用 PCR 技术使操作实现自动化。这一系统是目前在基因定位的研究中应用最多的标记系统。它们是目前大规模基因组扫描方法的基础。

STR 的遗传学图距是以减数分裂过程中,两个位点之间进行交换,重组百分率的结果以 cM(厘摩尔根)为单位的,反映基因遗传效应的基因组图。STR 作为遗传标记使人类基因组的遗传制图与连

锁分析发生了革命性的变化。法国与美国合作，于 1996 年初已经建立了有 6000 多个以 STR 为主体的遗传标记，两个标记之间的平均距离为 0.7cM，即两个位点之间有 0.7% 的几率可以重组。

第三代标记是 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) 遗传标记系统，即单核苷酸多态性标记。人类群体有很大的遗传多样性，而在大多数基因位点上都会有若干个等位型 (alleles)，对每一个核苷酸来说，其突变率大约为 9~10 左右，这就意味着，每一个核苷酸在任何一代人群中大约每 1×10^9 个个体就会发生一次变异。由这种方式产生的单碱基变异就形成许多双等位型标记。这种标记在人类基因组中可达到 300 万个，平均每 1000 个碱基对就有一个。因此，3~4 个相邻的这种标记构成的单倍型 (Haplotype) 就可以有 8~16 种，相当于一个微卫星标记形成的多态性。由于这种标记数目多，覆盖密度大，因而在基因定位的研究中就有着其他标记系统不可比拟的优越性和潜力。这种标记的开发和应用摒弃了遗传标记分析技术的“瓶颈”凝胶电泳，为 DNA 芯片技术应用于遗传作图提供了基础。

(三) 序列图谱

人类基因组计划最初的目标是要在 15 年内完成测定总长度由 30 亿个核苷酸组成的人类基因组的序列图。按照测一个核苷酸一美元计算，计划投入 30 亿美元。这是一个明确、艰巨的定时、定量、定质的硬任务。遗传图和物理图的构建都是为绘制序列图所制的。因为目前的测序技术还不允许进行很长的 DNA 测序；否则，就不需要前两张图了。目前的策略是把庞大的基因组分成若干有路标的区域后，进行测序分析。序列分析需要用一个区域的 DNA 片段重叠群使测序工作不断延伸，这中间的 STS 被用作任何两个片段 (上百个 bp) 间的重叠区域，使分别被测的短序列进行正确的拼接。基本策略是建立 DNA 小片段的重叠群并尽可能地降低重叠部分所占的比例以提高效率和降低成本。

(四) 基因图谱

就是在人类基因组中鉴别出占据 2%~5% 长度的全部基因的位

置、结构与功能。涉及办法很多,但最主要的是通过基因的表达产物 mRNA 反追到染色体的位置,其原理是:所有生物性状和疾病都是由结构或功能蛋白质决定的,而已知的所有蛋白质都是由 RNA 聚合酶指导合成的带有多聚 A 尾巴的 mRNA 编码的,这样就可以把 mRNA 通过反转录酶合成 cDNA 或称作 EST 的部分 cDNA 片段,然后,再用这种较稳定的 cDNA 或 EST 作为“探针”进行分子杂交,鉴别出与转录有关的基因。此外,根据 mRNA 的特点,可用与多聚 A 尾巴互补的寡聚 T 或克隆载体的相关序列为引物,对 mRNA 的双端尾侧的几百个 bp 进行测序,得到 EST (表达序列标签)。截至 1999 年初,国际数据库中已贮存 EST 数量已有 100 多万个。基因图谱的意义在于它能有效的反映在正常或受控条件中表达的全基因的时空图。通过这张图我们可以了解某一基因在不同时间、不同组织、不同水平的表达。有了“正常”的基因图谱,就奠定了构建特定生理条件下(如受外源的病原体、药物、食物、精神的刺激)与“异常”病理情况下, cDNA 差异图的基础,以此将为 21 世纪的基因医学绘制出指导的蓝图。

第二节 人类基因组计划的进展情况

一、人类基因组图谱分析

1994 年底,美、法完成了以 RGLP 及 PCR 进行批量分析的微卫星 (MICROSATELLITE) DNA 为标志的遗传图谱,包含 5826 位点,覆盖 4000cM,分辨率高达 0.7cM。1996 年法国报道完成了全为微卫星标志构建的遗传连锁图,包含 2335 位点,分辨率为 1.6CM。还建立了以 15086 个顺序标签位点为标志,分辨率达 199KB 的物理图谱和构建了由 225 个 YAC 续克隆重叠群组成的、覆盖范围达整个人类基因组 75% 的物理图谱。目前,已制作了人 X 染色体高密度物理图谱,完成了 X 染色体 DNA 全长近 4% 的排序克隆库,及利用大片段 YAC 得到的覆盖人 21 号染色体 (21Q) 的排序克隆库,该染色

体含有许多与遗传病有关的基因，如 Down 综合症、早老性痴呆症等。至今已测定了长度大于 1Mb 的人基因组序列，包括 T 细胞受体区段，9q 及 22q 染色体部分区段和 Huntington 氏病基因区段等。1997 年美国科学家在世界上首次人工合成人体染色体，这一成就有朝一日可能使医生采用把基因“小盒”直接送达细胞中去的方法而改变人的基因遗传或进行疾病的基因治疗。

近年来，转录图谱在基因组数据库中进展最快。1994 年基因库中只有 50241 个 EST 序列，其中 45% 来源于人组织，到 1995 年 10 月增加到 328905 个，其中 80% 来源于人类 50 种不同的组织或细胞类型。现在国际数据库的 EST 的数量以每日 1000 多个的速度增长，至 1996 年，至少已有 60 万个，序列总长近 100Mb。另外，通过 EST 来源的基因组片段来定位 EST 也已取得重大进展，有 70% 可通过与基因组片段的序列比较而间接定位。由相互重叠的 EST 组成的重叠片段群已达 3 万多个，且在基因组中的位置已大致或接近确定。cDNA 计划的作用是：①为 HGP 提供表达序列。②为基因功能研究提供有价值的信息。③为基因鉴定提供候选基因。④编码序列有潜在的商业价值。因此，cDNA 计划是 HGP 测序工作的重点。对人类基因常见变化的扫描研究，标志着科学家对共同基因特征和疾病感受性的认识水平。剑桥大学医学研究所的 Wang 等人完成了单核苷酸多态性研究，该图搜集了最常见的人类基因变种。SNPs 处于人口交换相对频繁的地方，它们可作为确定疾病基因的标志。该基因图表现了 2000 多种 SNPs，它是人类基因 SNPs 成图的第一步。这一结果提供了核苷酸水平上人类多样性特征，展示了大规模人类 SNPs 识别的可能性。

二、人体新基因的发现、克隆与研究

HGP 发展以来，40 余种有重要意义的人类基因包括 Huntington 氏病基因 (HD)、Wilson 氏病基因 (WD)、乳腺癌基因 (BRCA1) 和囊性纤维变性基因 (CFTR) 等获得分析。如今又有许多人体新基因及其功能被发现和研究，如与智力发育相关的 IGF2R 基因；12 号染