基因是如何命名的
以水稻基因符號為例說明

農試所作物組 魏夢麗 呂椿棠
農試所技服組 呂秀英

一、前言

基因是生物遺傳的單位，當不同的學者研究相同的基因時，若是不同學者給予這個基因不同的名稱，就會造成一個基因有好幾個名稱及符號，進而引起混淆。因此，各研究機構都趨向以共同的、普遍的、科學的制度來命名基因符號，以利於基因之結構、功能及演化研究上的學術交流，同時讓基因組資料庫中基因相關資訊的搜尋變得更有效率。水稻是世界主要糧食作物之一，水稻基因組研究一直以來受到全球之重視，也是最早完成定序的作物，因此藉由知道水稻基因符號的命名原則，將有助於瞭解一般基因是如何命名的。

二、水稻基因命名原則的歷程

基因命名以使用共通的國際語言（英文）為最佳，同時基因的名稱要能說明表型 (phenotype) 或傳達基因的功能或特性。1957年首先由國際遺傳符號及命名委員會 (International Committee on Genetic Symbols and Nomenclature, ICGSN) 正式發表細菌、植物、老鼠及人類的遺傳符號的命名準則，之後許多物種的命名規則也都已被模式化。但是隨後人類、老鼠及其他物種的研究團體及人員分別在各專屬網站或出版的科學期刊上，又紛紛提出修正版本，分別建立個別物種的基因符號之命名標準原則，基本上仍是以ICGSN所提出的準則為主體架構。水稻基因的命名是於1963年根據ICGSN會議通過，而後經聯合國農糧組織 (Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO) 的國際稻米委員會 (International Rice Commission, IRC) 加以補充，才有了明確規範。歷經二十多年後，由於水稻遺傳研究之快速發展，使得水稻基因的符號與命名規則有重新審視和修改之需要，因此再於1986年由水稻基因符號、命名及連鎖基因委員會(Committee on Gene Symbolization, Nomenclature and Linkage, CGSNL ; http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase_submission/gene_nomenclature) 再行修正，主要以描述基因相關表型作為水稻基因命名及基因符號的規則，在2004年12月水稻基因組定序草圖完成之前，一直被水稻研究人員廣泛採用。由於基因的分子生化特性日益受到重視，隨著更多新的檢測方法，針對基因的定性描述也越來越多，因此 2004年國際水稻基因組定序團隊(International Rice Genome Sequencing Project, IRGSP) 在日本筑波所舉行RAP-1會議中建議增修水稻命名規則，希望它能反映出特定遺傳背景之等位基因及基因生化特性。於是CGSNL又在2005年完成水稻基因命名規則的修

作　　者：魏助理研究員夢麗
連絡電話：04-23302301-7128

改，更新文件中除了原有外表型變異的描述外，也參考其他模式生物命名規則的作法，增加了DNA、RNA及蛋白質序列等訊息來描述基因的標準規則。

三、水稻基因命名與基因符號的一般原則

現行水稻基因及基因符號命名的一般原則整理如下。

（一）基因全名：命名的基因必須是經過合理證明獲得已存在之基因，所有新發現的基因應先至CGSNL註冊，以避免發生重複和名稱混淆之問題。基因的全名由名字 (name) 和1-3個數字基因座位點指示符號 (locus designator) 組成；其中名字要能說明表型或傳達基因功能或特性，至於基因座位點若最初發現基因時還未知則將符號設為1，往後陸續發現與該基因具相似特性的新基因，再由CGSNL按順序賦予該基因一個新的座位點指示符號。基因的名字以大寫斜體英文表示，與座位點指示符號書寫同一行並中間留一空格，例如脫粒性基因*SHATTERING 1*。

（二）基因符號：是基因全名的縮寫，其由基因分類符號 (gene class symbol) 與基因座位點指示符號 (locus designator) 兩部分組成。基因分類符號以2-3個字母縮寫而成，並儘可能表達其功能與特點，且一律以大寫斜體字母表示；基因座位點指示符號由1-3個數字組成，與基因分類符號之間不需有空格。例如脫粒性基因*SHATTERING 1*，其符號為*SH1*。但對於命名原則尚未確定前的舊有基因符號，即使不符合現有規則仍予以保留，例如糯稻胚乳基因*GLUTINOUS ENDOSPERM*早期符號為*WX*，現仍保留並書寫成*WX1*。

（三）等位基因：等位基因的全名和符號都以小寫斜體字表示，並分別用大、小寫字首來區分顯性及隱性基因。例如水稻抗白葉枯病之顯性基因*Xanthomonas campestris pv. oryzae resistance 13* 的符號為 *Xa13*，而隱性

水稻基因小百科

水稻有12條染色體，每條染色體色編序有千萬個鹼基。自1998年開始，全球計有美國、日本、中國、台灣、法國、印度、韓國、泰國、英國、巴西等10個國家參與水稻基因組定序研究工作。參與的研究團隊共同約定以相同的實驗材料進行基因組定序工作，並將定序資料公開於網路上供研究者使用。在參與計畫的國家中，除日本、美國、法國、中國和台灣5個團隊獨立完成1條或1條以上的染色體基因定序外，其他國家都以合作方式完成某一條染色體的基因定序。我國水稻基因定序工作係由中央研究院植物所研究團隊，於2004年完成第5條染色體約3千萬鹼基對的定序，準確度高達 99.99%。

水稻基因組的奧秘被初步揭開，科學家驚奇地發現，水稻基因總數竟然是人類基因組基因數目的約兩倍，人類基因大約3萬到4萬個，而水稻的基因有4萬6千到5萬6千個。但是水稻基因是所有穀類作物中基因數最小的，玉米基因數是它的6倍，小麥是它的40倍，這打破了過去大眾潛意識中存在的“生命越高級，基因數越多”的認知。水稻是禾本植物的代表，水稻在基因方面同其他重要穀類非常相似，因此水稻被視為研究穀類作物最好的模式。

基因*xanthomonas campestris pv.oryzae resistance 13* 的符號為 *Xa13*。

（四）非等位基因但基因表型相似(包括重複基因及互補基因)，則在基因符號後加一短橫線再標以不同的字母或數字。例如水稻雜種弱勢基因*HYBRID WEAKNESS(LEATHAL)-C1* 及*HYBRID WEAKNESS(LEATHAL)-C2* 是兩個互補基因，符號分別為*HWC-1, HWC-2*。

（五）數量性狀基因座 (quantitative trait loci, QTL) 的基因，在基因符號的最前面加小寫q。例如水稻營養生長期基因*BASIC VEGETATIVE PHASE (QTL)-4*是數量性狀基因，其符號為*qBVP-4*。

（六）當一個新發現的基因若與先前已發表基因的等位關係尚未確定前，則在基因符號後加上 * 或 (t)，表示暫定。例如水稻抗白葉枯病顯性基因的符號*Xa25(t)* ，一旦該基因的等位關係確定後，才會將 * 或 (t) 移除。

四、結語

隨著科技進步，各物種的研究團體在其專屬網站及期刊上，對於基因符號及命名的原則仍不時提出修正。但這也造成在各不同期刊上新舊名稱或符號混合使用，因此常會造成讀者混淆不清而感到困惑。生物科學領域研究中使用基因符號的頻率很高，為有利研究的進展及學術交流，研究人員應該採以共同的科學制度來命名基因，這也是目前各研究團體的共識及仍繼續積極努力達成的目標。最後在此提供生物基因命名的幾個重要網站，如表一所列（本文同步刊登農政與農情月刊第206期）。

五、參考文獻

International Committee on Genetic Symbols and Nomenclature. 1957. Int. J. Sci. Biol. 30:1-6.

Jaiswal, P., A. Yoshimura, T. Kinoshita, Y. Yamazaki, R. Bruskiewiz, G. Liu, Y. Nagato, M. Yano, Q. Zhang, and S. R. McCouch. 2006. p.1-25. in Rice Gene Nomenclature Document.

Kinoshita T. 1986. Rice Genet. Newsl. 3:4-8.

Zhang, C. 2004. Acta Editologica 16:262-263.

表一、生物基因命名的重要參考網站

網站名稱	網址
水稻基因符號、命名及連鎖基因委員會 (Committee on Gene Symbolization, Nomenclature and Linkage, CGSNL)	http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase_submission/gene_nomenclature
水稻資料庫(Oryzabase)	http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase_submission/gene_nomenclature/
人類基因體組織 (Human Genome Organization, HUGO)	http://www.genenames.org/ guidelines.html
老鼠基因組資訊網 (Mouse Genome Informatics, MGI)	http://www.informatics.jax.org/mgihome/nomen/
玉米遺傳及基因組資料庫(Maize Genetics and Genomics Database, MaizeGDB)	http://www.maizegdb.org/maize_nomenclature.php
阿拉伯芥資訊網 (Arabidopsis Information Resource, TAIR)	http://www.arabidopsis.org/info/guidelines.jsp