

作物种质资源学科的发展和展望

董玉琛

(中国农业科学院作物品种资源研究所, 北京 100081)

[摘要] 作物种质资源学科是20世纪发展起来的,瓦维洛夫的世界考察收集及其材料的表型多样性地理分布研究,奠定了作物种质资源学科的基础。自1958年美国建成世界第一座现代化种子库后,至今全世界的种质库已达1300多个,保存种质 600×10^4 份(另一文献为 2500×10^4 份)。现在的种质库分为长期、中期和短期三种,并在研究液态氮保存。无性繁殖作物采用种质圃或试管苗保存。由于育种工作对种质资源要求日益迫切,以及分子生物学的发展,使作物种质资源研究进入了以评价鉴定为主的时代。应用分子遗传图谱不仅能鉴定质量性状,而且能发掘数量性状基因。中国原产的作物种质资源得到了较好的收集,1986年建成国家作物种质库(长期库),其中已存入各种作物的种质资源 31×10^4 份。并建有西宁复份保存库,22个中期库,30个国家种质圃和2个试管苗库。对保存的材料大多数进行了农艺性状、抗病虫害、抗逆性和品质初步鉴定,并建成了中国作物种质资源信息系统。随着生物技术的加速发展,应用高新技术千方百计在种质资源中发掘新基因将是21世纪作物种质资源学科发展的热点。因此,要妥善保护现有种质资源,不再使任何基因流失;并从国外引进新作物、新基因,以促进农业改制和作物生产的发展;大力从地方品种中,特别是野生种中发掘新基因,促进农业持续发展。

[关键词] 作物种质资源;种质库;地方品种;野生种

进入21世纪,人类对农产品的需求问题将显得更为突出。全球现有人口 57×10^8 ,到2030年,将达到 89×10^8 ^[1]。而全球 13.8×10^8 hm²耕地, 10^8 hm²果园和 33×10^8 hm²牧场不会有明显扩大。提高农产品的产量也不能像20世纪那样,靠增加灌溉和增施化肥、农药。因为淡水资源不断减少,农业污染问题已很严重。正因如此,我们不得不承认,只有通过作物的品种改良,才能生产更多的农产品来满足人口不断增加的需要。为了改良作物品种就需要各式各样的基因,这些基因存在于古、今、中、外农作物的品种及其野生近缘植物之中。这些品种和野生种就是基因资源,或称种质资源。人类收集、保存、研究和利用种质资源已经进行了一个世纪,现在它已经成为一门学科,受到人们空前的重视。

1 全球作物种质资源学科的发展

1.1 作物种质资源学科的建立

作物种质资源研究从收集作物开始。尽管有些国家,如美国,农业就是建立在海外引种的基础上。19世纪和20世纪初,各国涌现出不少杰出的植物收集家,但是只有瓦维洛夫(Н.И.Вавилов)在20世纪20年代开始的种质资源大收集工作才奠定了作物种质资源学科的基础。他曾到达亚、欧、美、非四大洲,60个国家,和他的同事们一起收集到 15×10^4 份种质资源,并对它们进行了表型多样性及其地理分布研究。他提出的“作物起源中心学说”和“性状平行变异规律”等理论至今仍指导着作物种质资源收集。他倡导的作物品种按生态型分类,重视野生近缘种属中的基因等观点,在种质资源研究和利用中发挥着越来越大的作用^[2]。

1.2 基因库的发展

20世纪50年代,美国发现花费大量人力、财力从世界各地收集来的种子大都失去了发芽力,决定采用机械降温的种子库,来保存这些收集的种子。经国会决议,于1958年在科罗拉多州柯林斯堡建成国家种子贮藏研究室(NSSL),这是世界上第一座现代化种质库。此后,世界各国及国际农业研究组织相继建立现代化种质库,至今全世界作物种质库已达1300多个,保存种质 600×10^4 份(据Plucknett等统计,为 2500×10^4 份)^[1,3]。

现今种质库有3种:长期库,温度为零下 $18 \sim 20^\circ\text{C}$,种子经干燥后密封在不透气的容器中,种子生活力可维持50年,有的甚至可达100年以上,长期库的种子一般不动用,只作为中期库的后盾;中期库,温度 $0 \sim 5^\circ\text{C}$,种子也要进行干燥,生活力可维持10~30年,其任务是向研究、鉴定、利用者提供种子,并负责种子的繁殖更新。中期库大都按地区或作物类别设置,如美国在4个地区引种站和各类作物的种质中心都建有中期库;短期库,室温或加空调,存放工作中正在使用的材料。日本的种质库机械化程度高,取种子时人无需进入库内,而是由机械手把所需的种子送到窗口,这样有利于保持库内的温湿度。无性繁殖作物的种质资源不能用种子保存,必须建立种质圃在田间保存。

现在许多国家正在研究利用液态氮在超低温(-168°C)条件下保存种子、花粉、愈伤组织、茎尖等。这种方法比机械降温法保存种质更经济,但开始投资要高得多。对无性繁殖作物提倡用试管苗保存,在试管中保存由茎尖长成的小苗,每一年左右时间,取出小苗,切成数段,用快繁方法使每段再生成小苗,继续保存。无疑这种方法比种质圃田间保存要经济和稳妥得多,但是这需要大量试验研究,解决各种作物需要的培养基和保存温度等技术条件。

1.3 种质资源评价研究的新时期

据统计^[4],20世纪70年代中期至80年代中期,由于绿色革命的影响,即矮秆、耐肥稻、麦品种的育成和推广,使发展中国家的稻、麦产量平均每公顷增产80kg左右。而80年代中期至90年代中期稻和麦产量平均每公顷只增产40kg和30kg。育种家们渴望再育成突破性的品种,但苦于找不到理想的原始材料。因此,强烈地感到应该对保存的大量种质资源进行深入研究,从中发掘有用基因。

到了90年代后半叶,分子生物技术的飞速发展使这种愿望成为了可能。

传统的种质资源评价是针对所需性状,给予胁迫环境,如抗病性,将一批材料进行病原菌接种,从中筛选具目标性状的材料。这种方法对单基因或少数基因控制的质量性状是很有效的,很多作物已鉴定出抗病材料,并加以成功利用。现在应用分子标记,在分子水平上进行质量性状基因的鉴定已取得重要进展,仅在小麦方面就已经找到30多个基因的RFLP标记,涉及到抗三种锈病、白粉病、眼斑病、孢囊线虫、俄罗斯蚜虫、麦蝇,以及抗霜冻、抗穗发芽、春化反应、控制 K^+/Na^+ 离子等多种抗病虫和其他性状^[5]。

农作物的许多重要性状为数量性状,如产量、成熟期、品质、抗逆性等,它们受多基因控制且易受环境条件影响,因此,特性鉴定较困难。近年来由于分子标记技术的发展,人们可以使复杂的数量性状分解,找出几个主效基因,然后像研究控制质量性状的基因一样,分别进行研究。以分子标记为基础的遗传连锁图为人们提供了在分子水平上鉴定种质资源的有力工具。Bemacchi等应用遗传连锁图在野生番茄中发现了三种与产量有关的基因,并用数量性状位点(QTL)回交法把这三种基因转移到栽培番茄中,育成了产量、可溶固体物含量和色素含量三种性状分别比原农艺亲本提高48%、22%和33%的一批番茄新品系^[1]。用同样方法,Xiao等(1996)在普通野生稻中发现了两个数量性状位点,它们可使杂交稻的产量比现有杂交稻分别提高17%^[6]。分子生物技术突飞猛进地发展使种质资源的鉴定评价进入了大发展阶段。

2 我国作物种质资源学科的主要成就

2.1 农作物品种收集基本完成

我国的作物种质资源学科是新中国成立后发展起来的。我国是生态环境十分多样的农业古国,是世界重要的作物起源中心之一。因此,我国农作物的地方品种极其重要。我国政府认识到这一点,在20世纪50年代农业合作化高潮中,不失时机地进行了全国性地方品种收集。70年代末,又进行了全国性的补充征集,使我国各种作物的古老农家品种(地方品种)和选育品种基本全部收集起来,共收集各种作物种质资源约 31×10^4 份(内有重复),为世界农业保护了这批珍贵的遗产。

自 70 年代末以来，组织了野生稻、野生大豆、小麦野生近缘植物、野生猕猴桃、牧草等全国性种质资源考察收集，以及云南、西藏、神农架、海南岛、大巴山、川西南、黔南桂西山区、赣南粤北山区、三峡等地区考察，收集种质资源约 10×10^4 份。这是我国作物野生近缘植物收集的良好开端。

2.2 建设了现代化作物种质库

1986 年在洛克菲勒基金会和国际遗传资源委员会 (IBPGR, 后更名为国际遗传资源研究所, IPGRI) 部分资助下, 建成我国国家作物种质库 (长期库)。该库周年维持温度 $-18^{\circ} \pm 2^{\circ}\text{C}$, 相对湿度 $50 \pm 7\%$, 容量 40×10^4 份。经“七五”、“八五”、“九五”三个五年计划, 长期库现存入 160 种作物的种子 31×10^4 余份。并在西宁建成复份库, 长期库保存的材料全部另存一套。在中国农业科学院的 8 个作物专业所和 14 个省、市、自治区农科院建设了中期库, 保存有关作物的种质资源。对于无性繁殖作物, 在全国各地建立了 30 个国家种质圃, 共保存果树、茶、桑及其他无性繁殖作物种质 3.7×10^4 份。此外还建立了甘薯、马铃薯两个试管苗库。初步建成了我国作物种质资源保存体系^[7]。

2.3 进行了一大批作物种质资源抗病性、抗逆性、品质特性鉴定

截止 1995 年底, 共进行各种作物田间农艺性状鉴定 35×10^4 余份, 抗病虫鉴定 20×10^4 余份, 抗逆鉴定 14×10^4 余份, 品质鉴定 19×10^4 余份。鉴定出一大批优异种质, 提供生产或育种利用。并建成了中国作物种质资源信息系统, 该系统还包括中国主要作物种质资源的地理分布图 and 一部分品种的指纹图谱^[8]。尽管这些鉴定是非常初步的, 但为今后深入研究打下了基础, 例如过去对 10 000 余份小麦种质资源进行了抗条锈病鉴定, 其中 140 份表现抗条锈病性。1997 年我们以新的条锈菌混合小麦种重新对它们接种鉴定, 其中 7 份苗期和成株期均免疫。我们对其中来自湖南隆回县的“和尚麦”用微卫星标记 (SSR) 进行抗病基因染色体定位, 查明其抗病基因位于小麦 1B 染色体长臂上, 与 SSR 标记 WMS11 的遗传距离为 26.2 cm, 与标记 xpsp 300 为随机分离。该抗病基因为隐性, 与已知的抗条锈基因在染色体位点上和抗性遗传上不同, 故为一新基因 (马渐新, 博士学位论文, 1999)。这样, 在过去大量鉴定的基础上, 发现新

基因就比较容易。应用分子生物技术评价研究作物种质资源在我国刚刚开始, 其前景是十分广阔的。

3 21 世纪作物种质资源学科的展望

21 世纪是生物技术的时代, 生物技术的大发展必将带动各有关学科发展, 促进人民生活改善。种植业必将朝着满足人们对饮食多样化、保健化的需要, 对工业原料的多种需求, 使生活环境优化、美化的方向发展。粮食的产量和质量会大幅度提高, 还将引进和发展适合各种需要的新作物。种植的作物种类会更多, 品种会更好。所以, 妥善保护现有种质资源, 大力引进新作物、新品种, 应用高新生物技术, 千方百计发掘新基因将是 21 世纪种质资源学科发展的热点。

3.1 妥善保护现有种质资源

人们已经懂得, 地球上的一切植物基因都蕴藏在小小的种子 (苗木) 中, 保护种质资源就是保护人类未来。美国每年花 2000×10^4 美元搜集和保存作物种质资源^[1], 足以说明这项事业的重要性。我国作物种质资源的重要性不言而喻。我国虽然在种质资源的收集、保存方面做了不少工作, 然而种子是活的, 不论长期库或中期库的种子都需要经常检测其发芽力, 发芽力降低时就需要种植更新。我国中期库的种子每隔 10~20 年便需种植更新一次, 还有很多省没有中期库。在自然条件下保存种子, 南方每 1~2 年, 北方每 3~4 年便需种植一次, 才能维持种子的活力。现在各保存单位有些种子已 10 余年未更新了, 急需种植更新。另外种质圃中保存的材料很易损失, 急需查清补齐。种质资源得而复失是对人民的犯罪。同时, 没有种子就不能深入研究鉴定。所以, 提供足够的种子给各方面深入评价和利用应是当务之急。此外, 野生近缘植物最好的保存方式是原地保存—原生境保存。我国这方面的工作尚未开始, 由于环境条件的变化, 野生种质资源损失严重, 急待择近缘野生种属类型丰富的地方, 分期分批建立以保护野生种质资源为目的的自然保护区或保护点。作物种质资源保存是基础性工作, 很难有现实直接效益, 因此宜相对集中, 而不宜继续分散到各省保存, 国家应对此有固定的投资。为此, 作物种质资源保存体系必须调整, 此外, 还应研究新的保存技术, 如超低温、超干燥、试管苗等, 以便改进保存方法。

3.2 积极引进新作物、新基因

国外引种从来是农业发展的重要手段,远说,我国的玉米、小麦、棉花、烟草、甘蔗、马铃薯等许多重要作物是从国外引进的;近说,几乎没有一种作物的育种能够离开国外引进材料。国外情况亦同,美国自我国引进大豆、柑橘;新西兰自我国引进猕猴桃,都形成了他们的支柱产业,占据了大部分国际市场,这只是近100多年的事。在我国面临农业结构改革的今天,更需大力有目的的从国外引进新作物、新基因。全世界栽培植物有1200余种,我国种植约600种,故引进的潜力很大。近年来我国的蔬菜引种成绩显著,许多从未见过的特种蔬菜充满市场,人民满意。西部大开发,要发展自己的名特优产品。引进新作物、新基因,既有利于形成新的名特优产品,又有利于农业持续发展、保护生态环境。譬如,我国农产品加工业比较落后,多数作物产品加工需要专用品种,这是我们所缺少的,引进专用品种能较快地发展产业。新疆引进了加工专用的番茄品种和葡萄品种,较快地发展起番茄酱(汁)和葡萄酒业;甘肃临洮引进荷兰花卉,发展起花卉产业。另外,引进新的饲料作物,干鲜果木,护坡固沙的乔、灌、草,以及新的食用、药用、工业原料作物都有很大潜力。

值得强调的是检疫,在引种中要特别注重检疫,严防带入新的病虫害,危害环境。

3.3 从地方品种中发掘新基因

现在的农作物大都是在一万年以前由其野生祖先栽培驯化而来的。当人类将野生种拿来栽培后,必然施加强大的选择压,以选择适合自己需要的类型,如不易落粒、株型紧凑,种子种下易发芽等。这样在不自觉中使后代群体遗传基础狭窄化了。现代育种又使品种的基础进一步狭窄化,因为选用亲本往往集中在少数几个综合性状好,配合力好的品种上,并对后代进行更强有力的选择。这种所谓的“瓶颈效应”使现代育成品种遗传基础很窄,而古老地方品种遗传基础较宽,野生种的遗传基础很宽。

我国的农作物地方品种非常丰富(表1)。并且大部分进行了初步的抗病害、抗逆性和品质鉴定。应用分子标记技术与常规技术相结合,从中发掘新的有用基因是比较容易的。近年来已有不少应用分子标记在地方品种中找到新基因的例子。同时,各种农作物地方品种与选育品种具有相同的基因组,由地方品种中转移基因比较容易。

表1 中国几种作物种质资源保存份数
(1998年12月)

Table 1 Numbers of accessions of germplasm resources of some crops Conserved in national genebank in China

作物	保存份数	地方品种份数	比例/%
水稻	64 390	46 893	72.8
小麦	39 924	13 370	33.5
大麦	18 089	8 728	48.3
高粱	16 546	11 024	66.6
粟	25 651	24 010	93.6
大豆	30 098	20 992	69.7
食用豆	23 541	20 258	86.1

3.4 大力从野生种中发掘新基因

野生种中蕴藏着许多栽培种不具备的优良基因,如抗病性、抗逆性、优良品质、细胞质雄性不育及丰产性等。由野生种向栽培种转移抗病性的例子很多,如水稻的草丛矮缩病,是由褐飞虱传播的,70年代在东南亚各国发病 $11.6 \times 10^4 \text{ hm}^2$ (174万多亩),仅1974~1977年这种病便使印度尼西亚的水稻减产 $300 \times 10^4 \text{ t}$ 以上,损失 5×10^8 美元。国际水稻研究所对种质库中的5000多份材料进行抗病性筛选,只发现一份尼瓦拉野生稻(*Oryza nivara*)抗这种病,随即利用这个野生种育成了抗褐飞虱的栽培品种,防止了这种病的危害^[1];小麦中已命名的抗条锈病、叶锈病、秆锈病和白粉病的基因,来自野生种的相应占28.6%、38.6%、46.7%和56.0%(根据第9届国际小麦遗传大会论文集附录统计,1999);马铃薯已有20多个野生种的抗病虫害基因(如X病毒、Y病毒、晚疫病、蠕虫等)被转移到栽培品种中来;又如甘蔗的赤霉病、烟草的青霉病和跳甲,番茄的抗鳞虫和温室白粉虱等抗性基因都是从野生种转移过来的。在抗逆性方面,葡萄、草莓、小麦、洋葱等作物野生种的抗寒性都曾成功地从野生种转移到栽培品种中,野生番茄的耐盐性也转移到了栽培番茄中。许多作物野生种的品质优于栽培种,如我国的野生大豆蛋白质含量有的达54%~55%,而栽培种通常为40%左右,最高不过45%左右;Rich(1976)把一种小果野番茄(*Lycopersicon pimpinellifolium*)含复合维生素的基因转移到栽培种中;Phillips(1976)把一种野生棉(*Gossypium thurberi*)的强纤维拉力转移给种植最广的陆地棉(*G. hirsutum*)^[1]。野生种细胞质雄性不育基

因利用, 最好的例子当属我国杂交稻的育成和推广, 它被誉为第二次绿色革命。关于野生种具有高产基因的例子, 如第 2.1 节中所述。

尤其值得重视的是, 在 DNA 水平上可以直观地看到现代栽培品种遗传变异贫乏, 而其野生祖先遗传多样性却十分丰富^[1]。

应用多种分子标记构建各种作物的遗传图谱已经取得重大进展。这对种质资源的深入评价, 发掘新基因, 以及分子标记辅助育种将产生巨大推动作用。RFLP 连锁图还揭示了禾本科基因组的保守性, 即已发现水稻、小麦、玉米、高粱、谷子、甘蔗等不同作物染色体间存在部分同源关系^[9]。这似乎是瓦维洛夫的“性状平行变异规律”在 DNA 水平上的发展。比较遗传作图, 不仅在起源演化研究上具有重要意义, 而且在种质资源评价, 分子标记辅助育种及基因克隆等方面也有重要作用。21 世纪分子生物技术的飞速发展, 必然使种质资源的评价鉴定, 将不只是根据外在表现, 而是利用 DNA 遗传图谱。许多作物现代品种的 DNA 遗传图谱都已建立。分子生物技术与种质资源相结合必将为农业大发展层出不穷地创造奇迹。

参考文献

- [1] Tanksley S B, Mccouch S R. Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild [J]. *Science*, 1997, 277 (22): 1063~1066
- [2] Вавилов Н И. Теоретические основы селекции растений гос. изд. совх. иколх. литературы. 1935, Т. 1
- [3] FAO. Report on the state of the world's plant genetic resources [C]. International Technical Conference on Plant Genetic Resources. Leipzig, Germany. FAO, Rome, Italy, 1996
- [4] Conway G, Toenniessen G. Feeding the world in the twenty-first century [J]. *Nature*, 1999, 402: C55~C58
- [5] 贾继增. 分子标记在小麦遗传资源研究上的应用 [A]. 董玉琛, 郑殿升主编. 中国小麦遗传资源 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.250~272
- [6] Xiao J, Li J, Grandillo S, et al. A wild species contains genes that may significantly increase the yield of rice [J]. *Nature*, 1996, 384: 223~224.
- [7] 董玉琛. 作物种质资源 [A]. 农业部科技教育司编. 中国农业科学技术 50 年 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1999.271~283
- [8] 曹永生, 张贤珍. 中国主要农作物种质资源地理分布图集 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1995.1~449
- [9] Moore G, Devos K M, Wang Z, et al. Grasses, line up and form a circle [J]. *Current Biology*, 1995, 5 (7): 737~739

The Development and Prospect of Crop Germplasm Science

Dong Yuchen

(*Institute of Crop Germplasm Resources, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China*)

[Abstract] Crop germplasm is a discipline established in the 20th century, based on worldwide exploration and collection and the research on the phenotypes, and geographic distributions of diversities by Vavilov. The first modern crop gene bank was built in USA in 1958. Since then, more than 1300 crop gene banks have been built in the world. More than 6 million accessions (approximately 25 million accessions according to another document) are conserved in these gene banks. Gene banks can be Classified as three types: long-term, middle-term and short-term. Conservation in liquid nitrogen is an efficient method. Germplasms of vegetative crops are kept either *in vitro* or in field gene banks. Because of the more and more urgent need of crop germplasm in breeding and development of biotechnology, crop germplasm sciences enter a period which focuses on evaluation and identification of the collections. Molecular genetic maps can not only be used to identify qualitative traits, but also be utilized to discover quantitative trait genes. The indigenous crop germplasm resources in China have been well collected. A national crop gene bank (a long-term bank) was built in 1986, in which more than

(cont. on p.43)