

·学科进展与展望·

“大豆优异基因资源发掘及其基因组研究” 立项背景和意义

冯 锋 杨新泉

(国家自然科学基金委员会生命科学部,北京 100085)

[摘 要] 大豆是重要的粮食和油料作物,在我国国民经济发展中具有重要地位。在中国加入 WTO 的形势下,我国大豆面临着生产落后、供给严重不足、国内大豆产业受到进口转基因大豆的严重冲击的局面。我国是大豆的起源中心,收集保存的大豆资源蕴藏着丰富的有益基因。开展大豆优异基因资源发掘、大豆基因组序列测定与生物信息学分析、大豆优异基因的分子标记、定位与克隆等关键科学问题研究,将推动大豆的分子生物学研究并提高大豆的分子育种水平,为大豆遗传改良奠定坚实的理论基础。针对这些内容,2003 年国家自然科学基金委员会设立了重大项目“大豆优异基因资源发掘及其基因组研究”。

[关键词] 大豆,优异基因,资源,基因组

引 言

在中国加入 WTO、全面建设小康社会形势下,稳定优质农产品生产和供应,保障国家粮食安全,是农业科学研究面临的重要任务和目标。开展农作物优异基因资源发掘及其基因组研究是保证国家粮食安全、实现农业可持续发展的重要途径。植物基因组研究是生命科学的重要前沿领域,在国家自然科学基金委员会(以下简称自然科学基金会)生命科学部优先领域中也占有重要地位。

1 大豆的重要地位和生产与供给状况

1.1 大豆在国民经济发展中的地位

大豆(*Glycine max* (L.))原产于我国^[1,2],其种植、加工利用的历史悠久,在世界粮食作物构成和国际油料作物生产中占有重要地位。大豆具有较高的营养保健价值,富含多种人体必需氨基酸和不饱和脂肪酸,是主要的植物蛋白和优质油脂营养来源,还含有与抗癌等相关的功能性物质。大豆蛋白可通过降低血液胆固醇水平减少心血管病的发病危险^[3]。此外,大豆因其天然固氮能力而成为为数不多的“环

境友好”作物之一,对土壤改良、维护生态环境的良性循环具有重要的作用。大豆的生产和加工利用涉及的相关产业众多,包括畜牧业、油脂加工业、食品加工业、饲料行业、医药行业和保健品行业等。因此,大豆生产对于稳定、促进国内相关产业的良性发展也起着举足轻重的作用。

1.2 我国大豆生产与供给的基本状况

(1)大豆生产严重落后:我国大豆生产远远落后于世界大豆生产的发展。20 世纪 50 年代以前,中国曾是世界上大豆生产第一大国。但是,近年来我国的大豆产业却正处于萎缩衰退的局面。近半个世纪来,大豆的种植面积持续缩减,产量增长缓慢,大豆生产第一大国的地位逐渐被美国取代,随后又为巴西、阿根廷赶超,现在又有可能被后起的印度所赶上^[4,5]。在国内,大豆生产也远落后于其他粮食作物的发展。近 50 年的大豆生产仅增长 62%^[6],而其他粮食作物已增长 5 倍以上。

(2)大豆供给严重不足:现阶段我国大豆种植面积约 800—900 万公顷,总产量约 1 500 万吨^[4,6],人均大豆占有量从 1938 年的 23.4 公斤降至 2000 年的 10.8 公斤^[7,8],远低于人均 23.4 公斤的世界平均水

国家自然科学基金重大项目。
本文于 2003 年 8 月 6 日收到。

平^[9]。目前的生产量远不能满足市场需求。以30公斤/人为尺度,13亿人应有近4000万吨的大豆供给量;以2030年拥有16亿人口计,则应有近5000万吨的供给量。我国对大豆的需求空间巨大,供需缺口更趋严重。

(3)大豆产业遭受进口大豆严重冲击:我国从大豆原产国、最大出口国变为大豆进口国、世界最大进口国,成为美国、巴西和阿根廷大豆的主要国际市场。进口量从1996年的11万吨增加到2001年的1420万吨^[7]。国外廉价转基因大豆的大量进口,造成国内大豆价格的持续下跌,对我国大豆生产及其相关产业形成严重威胁,甚至影响国民经济的正常发展。

造成上述状况的原因是多方面的,主要在于我国大豆单产水平低、品质参差不齐、综合抗病虫害和抗逆能力差。我国大豆的单产近年多维持在1700公斤/公顷,分别比美国、巴西和阿根廷低33%、29%和27%^[4]。我国目前大豆主栽品种的脂肪含量大约是19.2%^[6],比美国大豆低1%—2%,比进口榨油用大豆低3%左右。我国是大豆的起源中心,收集保存的3万余份大豆资源居世界之首^[14],其中蕴藏丰富的有益基因(如抗病虫、耐逆、优质、高产潜力等)。因此,通过研究开发我国大豆特有遗传资源,可充分挖掘、提高优质大豆单产潜力。尽管传统的大豆改良技术在大豆产量、品质和抗性等方面仍发挥着重要作用,但由于周期长、把握性小、应变速度慢,已不能满足大豆生产发展需要。现代生物技术的应用和植物基因组学的发展为大豆遗传改良开辟了全新的途径,有可能使我国大豆科学研究实现跨越式发展。

2 开展大豆优异基因资源发掘及其基因组研究的科学意义

大豆种质资源研究是大豆遗传育种及其相关学科发展的基础。造成我国大豆育种水平停滞不前的主要原因之一是对大豆种质资源研究不够深入。我国收集保存的大豆资源中蕴藏着丰富的有益基因,这是我国独有的巨大财富,也是我国大豆产业持续发展的坚实基础和巨大的潜在优势。如何将这一潜在优势变为现实优势,是目前迫切需要解决的一个科学问题,同时也是世界各国所普遍关注的一个研究领域。

植物基因组研究是生命科学的重要前沿领域,在生命科学部优先领域中也占有重要地位。大豆基

因组的研究不仅可以提供大豆最基本的生物遗传信息,发掘大多数的功能基因,促进对大豆遗传机理的综合了解,而且有利于推动大豆分子生物学研究和提高大豆分子育种水平,为大豆基因资源研究和遗传改良奠定坚实的科学基础,最终全面推动大豆的应用研究。此外,由于大豆与固氮菌共生而具有固定氮素的特殊能力,而且生物固氮是当前亟待研究的重大科学问题之一,因此开展大豆基因组研究可为探讨植物固氮机理及物种协同进化提供新的学术思想。国际上拟南芥、水稻基因组测序的工作已完成,若能启动大豆基因组研究,则可初步构建我国经济作物基因组研究和利用的平台,并为农作物比较基因组研究打下基础,从而带动整个粮油作物的基础与应用研究,提高粮油作物的研究水平。

3 国外相关研究现状和国内研究基础

3.1 国外相关研究

围绕大豆遗传育种和基因组研究,国外已开展了相关的工作。(1)大豆遗传图谱和生物技术研究取得了长足进展,发展了基于RFLP、RAPD、AFLP和SSR(简单重复序列)等技术的标记系统,建立了涵盖20个连锁群、包括1400多个标记的遗传图谱^[11,12,16]。目前正在开发SNP(单一核苷酸多态性)标记,MAS(分子标记辅助选择)和EST(表达序列标记)等在大豆上应用的方法学也正在研究之中。此外,美国已于2000年首先倡议启动、实施大豆基因组研究计划^[14,15,17]。(2)大豆生理学研究与育种相结合,把非生物逆境抗性作为大豆育种的重要目标性状,在继续重视产量、光周期反应和适应性的同时,开展抗/耐逆性育种。(3)虽然国内在转化方法方面尚没有取得突破性进展,但国外一些公司已成功培育出转基因抗除草剂大豆,并大面积推广。2001年全球种植总面积7200万公顷的大豆中有46%是转基因品种。目前,抗虫、改善营养成分(如脂肪酸组成)已逐渐成为国际上转基因大豆的研究重点。

3.2 国内研究基础

资源优势为发掘优异基因奠定了物质基础:自“六五”以来的四个五年计划全国大豆育种攻关和国家自然科学基金重大项目“东北大豆种质资源研究与拓宽”的资助,使我国科学家围绕大豆种质资源开展了较系统的研究^[13],促进了我国大豆资源征集和遗传育种研究的发展,共搜集保存栽培大豆种质2.2万余份,一年生野生种质约0.7万份,国外引种和多

年生野生材料近0.2万份,通过表型鉴定已筛选出一批优异性状的品种资源。在大豆抗病、雄性不育恢复基因发掘等方面取得了显著进展,分离克隆了具有自主知识产权、可供植物基因工程利用的新基因。15年间共育成大豆新品种388个。这些工作为开展大豆优异基因资源发掘和大豆基因组研究提供了物质基础。

国内大豆分子生物学研究已有一定基础:近年来,中国科学院遗传研究所、中国农科院品种资源所、中国农科院作物所、南京农业大学大豆研究所、吉林省农科院大豆所和东北农业大学等单位在国家“863”、“973”等项目的资助下先后开展了大豆基因组学的相关基础研究,包括基因定位及永久作图群体的构建,农艺性状的分子标记(QTL)和定位,抗病候选基因的克隆以及大豆基因转化体系的建立等,并取得一定进展。

研究方法和技术手段接近国际先进水平:我国大规模基因组测序和分析的技术和方法已比较成熟,在植物基因组研究领域处于国际先进水平。2002年4月,中国率先完成并且在国际权威杂志*Science*上以“封面文章”发表了水稻基因组框架图的测序和分析结果;并将在近期绘制完成水稻基因组的精细图。国外拟南芥基因组完整图谱已于2000年底宣布绘制完成。作为两种非常重要的模式植物,拟南芥和水稻基因组图谱的完成将为大豆基因组图谱的绘制提供参考和帮助。在独立完成水稻基因组计划的过程中,我国已基本拥有了全套生物信息学分析软件系统和高性能计算能力,具有了针对植物基因组的大规模测序、分析和综合能力。

研究队伍实现了学科交叉和优势互补:目前,国内已建立了一支学科交叉的老中青相结合的、既有较好理论基础又有丰富实践经验、严谨务实、优势互补的研究队伍。他们与国际同行保持着紧密的合作,引进和消化吸收了一批国际上最新的研究手段与方法,并结合我国农业生产实际,取得了一些在国际上有影响的研究成果。相关研究单位为国家和部级重点开放实验室,基本具备了从事大豆基因组等研究的条件。这些为开展大豆基因组相关研究奠定了基础。

4 大豆优异基因资源发掘及其基因组研究的关键科学问题

在国内外现有的研究基础上,有必要针对大豆优异基因资源发掘和文库建立、大豆基因组序列测

定与分析、大豆基因组生物信息学分析、优异基因的分子标记、定位与功能研究等开展系统研究。这一研究将为大豆的遗传育种研究打下坚实基础,有利于加快育种进程、提高育种效率,培育具有突破性的新品种,进而改变大豆生产落后的局面;研究结果将促进我国大豆资源的开发、利用和保护,为维护我国大豆资源的优势提供有力保障。具体研究内容包括:

4.1 大豆优异基因资源发掘和文库建立

鉴定、发掘大豆优异性状种质的基因资源,包括与产量、品质、抗病虫、抗逆、生育期和育性以及固氮等性状相关的基因,建立其cDNA文库。建立其插入片段为2k、8k、20k、40k和150k的基因组克隆文库。为进一步研究和利用大豆优异基因提供资源基础。

4.2 大豆部分基因组序列测定与分析

针对一类或几类与育种有关的重要生物学性状的优异基因,利用网上公开的资源及已有基础,设计特异性探针,得到其基因组克隆,在基因组水平上进行序列测定,从而得到包括基因调控区域、基因外显子和内含子在内的完整基因组序列。利用这些序列与已有的拟南芥基因组和水稻基因组进行比较研究,从而奠定其功能研究的分子基础。

4.3 大豆基因组生物信息学分析

在已有的基因序列和基因组序列基础上,全面开展包括信息学、数学和物理学研究方法与手段在内的大豆基因组生物信息学分析,包括适应于大豆基因组特有的基因识别与注释系统、重复序列识别与注释系统、针对优异基因进行的基因组间比较分析、基因表达调控研究等。为今后在大豆全基因组水平上的序列和功能研究打下理论基础。

4.4 优异基因的分子标记、定位与功能研究

利用具有不同优异性状基因的资源构建相应的重组自交系,为这些基因的标记、定位、克隆提供材料。对与育种有关的重要生物学性状的优异基因进行分子标记及基因定位,开展大豆分子标记辅助育种研究,针对某一类基因进行功能鉴定,为大豆品种的遗传改良研究打下基础。

5 结束语

作为大豆的起源地,同时面临着大豆研究和生产的落后局面,从保护我国特有基因资源和发展大豆生产着眼,在中国开展大豆优异基因资源发掘及其基因组研究具有重要的战略意义。自然科学基金

会生命科学部联合信息科学部、数理科学部在综合专家建议的基础上,提出了“大豆优异基因资源发掘及其基因组研究”重大项目建议。经专家咨询组和委务会专家讨论决定,2003年自然科学基金会设立了重大项目“大豆优异基因资源发掘及其基因组研究”,该项研究是一项重要的基础性工作,它将生命科学中分子生物学研究方法和基因组研究的成果与大豆资源研究相结合,体现了学科交叉。该项研究将推动大豆的分子生物学研究并提高大豆的分子育种水平,为大豆遗传改良奠定坚实的理论基础,是未来大豆遗传改良取得突破性进展的关键,并可为开展农作物比较基因组研究打下基础。

致谢:南京农业大学盖均镹院士、中国科学院遗传发育研究所陈受宜研究员、中国农业科学院作物品种资源研究所常汝镇研究员、邱丽娟研究员分别为本文的写作提供了素材并给予了悉心指导,特此致谢。

参 考 文 献

- [1] 徐豹. 大豆起源地的三个新论据. 大豆科学, 1986, 5: 29—35.
 [2] 王连铮. 大豆的起源演化和传播. 大豆科学, 1985, 4: 1—6.
 [3] 王连铮主编. 大豆高产栽培技术. 北京: 中国农业科技出版社, 1994.
 [4] 汤艳丽. 全球大豆生产和贸易形势分析. 粮食与油脂, 2002, 1: 11—13.

- [5] 蔡东宏, 郑承志. 世界大豆生产与贸易概貌. 作物研究, 1999, 2: 32—35.
 [6] 盖钧镹. 我国大豆遗传改良和种质研究. 见宋健(主编) 中国科学技术前沿, 中国工程院版第5卷, 北京: 高等教育出版社, 2002.
 [7] 汤艳丽. 2001年我国大豆、大豆粕市场分析及2002年展望. 粮食与油脂, 2002, 5: 16—18.
 [8] 马继凤, 赵政文. 我国大豆生产回顾与科研进展. 作物研究, 2001, 4: 35—40.
 [9] 戴雄武. 中国农业生产水平与发达国家比较. 经济理论与经济管理, 1999, 2: 35—37.
 [10] 王述民. 中国农作物种质资源保护与利用现状. 中国种业, 2002, 10: 8—11.
 [11] 刘峰, 陈受宜. 大豆的基因组研究. 生物工程进展, 2000, 20(5): 16—20.
 [12] 李启云, 赵洪钺, 庄炳昌, 王玉民. 分子标记在大豆遗传育种中的应用. 吉林农业科学, 1999, 24(6): 24—28.
 [13] 王金陵, 许忠仁, 杨庆凯主编. 东北大豆种质资源拓宽与改良. 哈尔滨: 黑龙江科学技术出版社, 1994.
 [14] Soybean Genetic Resources and Genetic Enhancement White Paper. January, 2000, <http://129.186.26.94/Genetic-Resources/Soybean-Genetic-Resources.html>.
 [15] Soybean Genomics White Paper. January, 2000, <http://129.186.26.94/genomics/Soybean-Genomics.html>.
 [16] Randy Shoemaker, Paul Keim, Lila Vodkin, et al. A compilation of soybean ESTs: generation and analysis. Genome, 2002, 45(2): 329—338.
 [17] There's Treasure in the Soybean Genome Map. <http://www.ars.usda.gov/is/AR/archive/feb99/map0299.htm>.

EXPLORATION OF EXCELLENT GENE RESOURCES IN SOYBEAN AND THEIR GENOMIC STUDIES

Feng Feng Yang Xinquan

(Department of Life Sciences, NSFC, Beijing 100085)

Abstract Soybean is an important crop for food and oil. It is essential to economic development in China. However, Soybean production in China is confronted with the backward production, serious shortage of supply and impact from the large import of transgenic soybean. Soybean originated in China. There are more than 30,000 soybean accession collected and stored in our country. These germplasm bring with some valuable genes. Therefore, it is necessary to carry out the studies on gene exploration, genome sequencing and analysis, gene tagging, mapping and cloning, construction of cDNA and genome library, and identification of gene function in soybean. In 2003, NSFC set up a major project titled “Exploration of excellent gene resources in soybean and their genomic studies”. This program will promote soybean molecular biological study, improve its molecular breeding level, and establish a theoretical basis for soybean genetic improvement.

Key word soybean, excellent gene, germplasm, genome