从知识创新展望 21 世纪生物多样性科学*

胡志昂

(中国科学院植物研究所, 北京 100093)

摘 要 首先简要介绍汤佩松(1983)创新植物学,随后根据其创新思想分析了生物多样性三个层次研究的现状和问题。提出了一个根据 DNA 序列变异尺度为标准的新的遗传多样性等级制度。为了避免物种和其他分类群的随意性,建议以 DNA 序列变异作为可操作的分类单元(OTU)和国际上进化上显著单元(ESU)相呼应。下一世纪的分子系统学和分子生态学可能重点研究 DNA 变异,特别是重复序列的变化对生物生命活动的调控,在分子水平上揭示结构和功能的进化和适应。第三部分讨论 Diversitas 五个核心课题,说明分子水平研究和生物技术对生物多样性保护和持续利用的重要性和迫切性。最后评论了“天人合一”为代表的反科学主义思潮,坚持科学进步。

关键词 创新植物学,生物多样性科学,分子生物学,生物技术,科学哲学

Creative prospect on biodiversity science in the 21 Century/HU Zhi_Ang

Abstract After a brief introduction of Creative Botany invented by famous phytologist P. S. Tang in 1983, recent situations and problems in biodiversity research were analysed according to his creative thinking. A new hierarchy of genetic diversity was suggested based on variation scales involved in DNA diversity. In corresponding to ESU (Evolutionarily Significant Unit), an OTU (Operational Taxonomic Unit) measured by DNA variation may be used to replace categories of taxa since its subjectivity. Next century, molecular systematics and ecology will probably pay attention to the question about DNA variation, especially the changes in repeat sequences how to control living activities of organisms and uncover relationships between structure and function in molecular levels in the course of evolution and adaptation. The third part of present paper discussed five core programmes of the Diversitas, which indicated researches at molecular level are urgently needed and biotechnology will play an important role in conservation and sustainable uses of biological diversity. Finally some related philosophical viewpoints were discussed.

Key words creative botany, biodiversity science, molecular biology, biotechnology, philosophy of science

Author's address Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093

1983 年国际著名生理学家汤佩松先生提出“创新植物学”(Creative Botany)(汤佩松, 1983),即“运用植物学的全部知识财富,采用分子生物学的最新技术,全面地、综合地研究植物个体和群体的生命活动规律,并运用植物学的最新成就定向地改造植物界,使植物学知识转化为强大的生产力。”这个报告是为植物学会年会准备的,因此称为创新植物学,其基本思想适用于整个生物学。十六年来生物学发展的历史证实了他的预计,生物学已从描述和实验时期进入创新时期。我理解有下面三个特点:一是分子生物学(包括结构生物学)不断深入揭示生命的物理化学本质;二是分子生物学向生物学其他分支学科渗透,演变出细胞生物学、发育生物学、分子系统学、分子生态学、分子病理学、分子心理学等等。各个分支学科在提高到分子水平后相互有了共同语言,真正实现整合,对生命活动有了全面的认识;三是在本质和全面认识的基础上,结合工程技术,产生生物技术,成为知识经济的一个重要组成部分。

* 本文根据作者在第三届全国生物多样性保护与持续利用研讨会大会报告(1998 年 12 月,昆明)修改而成
国家自然科学基金重大项目 and 面上项目资助

作为本世纪末出现的生物多样性科学,研究范围小到分子,大到生物圈。它的高度综合性正是生物学创新的一个方面。它的不足之处是忽视分子生物学和生物技术。本文试图沿着汤佩松的思路,对下一世纪生物多样性科学提出初步设想。主要是提出问题供讨论,当然更有待实践的检验。

1 生物多样性的三个层次

作为生物多样性三个组成部分和最终来源的遗传多样性,谁都说很重要。三年前我们从生物学的发生、发展,特别是生物多样性保护和持续利用的历史进一步讨论了遗传多样性研究的理论和实际课题(胡志昂,王洪新,1998)。但在众多生物多样性的国际会议上很少见到遗传学家和分子生物学家。很多论文里生物多样性实际上仅指物种多样性,很难看出生物多样性概念提出后的变化。应该指出遗传多样性的研究成果主要不是来自生物多样性项目,而是借助分子遗传学的蓬勃发展和医学、农业的需要而有了空前的进步。从鉴定形态、生理特征紧密连锁的 DNA 标记出发,通过基因定位制图进行了编码生理、形态特征甚至是定量性状位点基因的克隆和测序。特别是生物基因组全序列分析的进展,促使从形态到分子不同水平的多样性都可以统一归纳为 DNA 序列的变化,即不同尺度 DNA 片段的缺失、插入和重排。按照某些权威的意见,物种多样性按分类学的范畴(categories)排列,生态系统多样性按生态系统的尺度排列,而遗传多样性只有群体和个体两个层次,并不是遗传学术语。因此本文提出以所涉及 DNA 片段的大小排出遗传多样性的等级制度:1)单碱基变异,相当于突变子与重组子;2)2~6 核苷重复序列拷贝数的变化,即微卫星 DNA 多态性;3)几百碱基重复序列的变异,所谓小卫星 DNA;4)整个蛋白编码序列的变异,即顺反子;5)基因组水平上的变异,包括细菌质粒、胞质 DNA 和染色体及其片段的缺失、插入、重组和水平转移。

最近 DNA 多样性分析方法普及到生物自然群体的研究,论文数目直线上升。以 *Molecular Ecology* 为例,第一卷(1992)出 4 期,共 258 页,到 1999 计划出 12 期,2880 页。在理论上开始物种客观定义的讨论,提出“多大的 DNA 变化可以定为新种?”“进化上显著的单元”(ESU)作为可操作的保护单元已为众多野生动物保护学家接受,主要根据线粒体 DNA 的部分序列(张亚平,1997)。但是问题还很多。首先是不同位点变异幅度差别很大。以大熊猫为例,线粒体 tRNA 基因序列没有发现变异,和等位酶低多样性一致,曾被认为是其濒危的内部原因之一。但线粒体 D 环区变异很大,而微卫星 DNA 变化极大,个体专一可进行亲子鉴定(张亚平,宿兵,1997)。脂松(*Pinus resinosa*)RAPD 与同工酶几乎无变异(Mosseler et al., 1993),但后来发现叶绿体微卫星 DNA 多态性极高(Echt et al., 1998)。我们实验室在野生大豆群体内检测到相当高水平的 RAPD 和同工酶变异(王洪新等,1997),但微卫星多态性很低(未版资料)。仔细查找已发表的大量数据,很容易看到,不论用什么方法,不同位点的遗传结构参数出入很大,只能用算术平均值代表。群体遗传学理论尤其不能解释为什么不同位点的遗传分化系数 G_{ST} 差别也很大。分子进化研究初期在动物学就提出分子进化与形态进化是两种不同机理的过程(Cherry, 1978)。我们在 1983 年用植物也发现匀速的分子进化与变速的形态进化相互一致又矛盾的现象(胡志昂等,1983)。1994 年我们引用大量文献进一步比较形态与分子之间、不同分子之间、同类分子不同位点之间在多样性水平上相互矛盾的情况(Hu Zhi_Ang & Wang Hong_Xin, 1994)。近来,自然群体 DNA 多样性研究直接证明要找到形态变异相联系的 DNA 标记极为困难,我们统计了栎树 172 个多态 DNA 位点(恽悦等,1998),法国 Bodenes 统计了 2800 个(Bodenes et al., 1997),没有一个是种专一的。那么什么是遗传多

样性的测度?为了克服个别性状、个别位点的片面性,我们曾提出将最后的希望寄托于基因组全序列测定(胡志昂,1995),因为Crick(1958)提出生物变异的最终来源是碱基序列的著名“序列假说”至今还没有被证伪。21世纪DNA序列分析方法会有重大改进。人和重要动植物基因组计划的完成能够回答什么样的DNA变异是中性的,怎样演化出适应性。最终告诉我们遗传多样性的准确含义。

物种(分类群)多样性存在的问题似乎更严重。达尔文(达尔文,1954)早在1859年就提出过“可疑的物种”。分类学家近来统计物种的定义有一百多个。作者和植物分类学家交往四十余年,每位学者有自己的物种标准。除“好种”外,分类群的修订永无止境。一位外国分类学家比喻为希腊神话里要把巨石推到山顶的英雄,似乎每次都推得更高,但最后还是滚回原地。物种及其它分类范畴的随意性,促使部分分类学家提出了“可操作的分类单元”(OTU)的概念。DNA序列的精确性和客观性可能是OTU的最佳选择。以核糖体RNA基因序列为主相当成功地解决了细菌的分类和系统问题,特别是根瘤菌的新的分子分类完全代替了混乱不堪的互接种族概念(Young & Haukka, 1996)。固氮生物nif基因组分析,证明进化过程中频繁发生基因的水平转移(Freiberg et al., 1997)。生物转座现象的普遍证实,说明目前分子系统学研究方法过分简单。进化走最短途径的基本假定与DNA变异不仅仅是点突变的事实不符。

生态系统研究中广泛使用物种多样性指数显然会受到物种定义不可操作性的影响。不仅如此,生态系统作为多样性的顶峰,需要整合其他两个水平的研究成果。遗传多样性虽已达到分子水平,但问题很多。分子系统学还不成熟,尤其是种子植物。分子生态学刚刚兴起,限于用DNA序列作为标记。三个水平还没有共同语言。应该向细胞生物学家学习,这个学科的飞速进展主要是细胞学家全面引进了分子生物学的原理和方法,使细胞的结构与功能得以阐明。21世纪要着重研究DNA序列,特别是重复序列的变化在生命活动和形态建成中的作用,进而了解分子水平上结构和功能的进化和适应,有望解决群体内中性随机DNA变异如何积累并转化为适应性的即定向变异的新基因。

2 关于 Diversitas

作为国际生物学家几年努力的成果,Diversitas不仅确立了生物多样性科学,而且大大促进了整个生物学的发展。缺点是低估了分子生物学对推动生物多样性科学发展的核心作用,忽略了生物技术 in 生物多样性保护中的作用。下面仅就各核心课题逐一提出问题进行讨论。

生物多样性对生态系统功能的影响是首选课题。1996年制定的“操作计划”估计“目前状况基本上来自观察和比较,而不是实验”,就是汤佩松(1983)所指生物学发展的第一阶段即描述时期。其实,生物化学和分子生物学已经足够详尽地阐明了各种生物的代谢过程及其基因调节(包括发育和环境的调节),这就是全球生态系统功能过程。生态系统中基因的作用即遗传多样性的作用;各分类群特有的基因代表了物种多样性的作用。以氮循环为例粗略说明:只有固氮的细菌才有能力将大气中的分子氮还原为铵,只有铵及其氧化产物 NO_3^- 可以被绿色植物吸收并借光合产生的还原能力酶催化为谷氨酰胺和谷氨酸,进一步变为其它氨基酸、核苷,用于合成蛋白质和核酸。最后被动物、真菌和细菌降解经反硝化返回大气。整个循环的众多反应在不同的生物中进行,各个特有的基因均已克隆和测序,基本上了解其发育和环境的调节。因此应该充分利用这些成果来研究具体的生态系统。首先阐明生态系统中各个生物组分的代谢途径,结合生境中发生的物理、化学过程,可以构画出生态系统的全部物理

化学过程。从中不难确定其关键的代谢途径和关键酶以及具有该基因的真正的关键种。例如在缺氮的生境，固氮细菌很可能是该系统的关键种。生态系统全部物理化学细节即生态系统功能本质的阐明，就可以应用各种技术，特别是生物技术调控生态系统的发育，实现人类社会的持续发展。

第二个核心课题是生物多样性的起源、维持和变化。维持的提法不妥，因为生物圈从一开始就是处于不断变化中。Diversitas 的一个重要创新就是把三个层次多样性的起源联系起来了。根据分子生物学和聚合物、络合物物理化学原理可以推断，最初的基因及其表达系统不可能是单一的。以前生命起源只注意蛋白质、核酸和脂类如何组装为细胞以及谁先后谁后问题和什么是最原始的代谢途径等。Diversitas 第一次提出生命起源应该是生态系统如何从无生命的地球表面形成这一分子生物学和结构生物学问题。

第三、四核心课题是系统学(包括分类)和多样性监测，即多样性的现状和未来的变化。鉴于群体、物种以及更高分类范畴的主观随意性，召集一系列国际会议就 OTU 和 ESU 取得共识是最紧迫的任务。进一步争取对各个生物主要类群的各级分类范畴分别取得共识。需要统一方法的不仅是取样，问题也不在于已描述和记载的物种数太少，而是因分类群定义的不一致而导致已描述种和更高分类范畴的不确定性。一个属内因为采用新的分类特征，一个种可以分为几十个种，很多种也可以归并为一个种，用一些特征还可以把一些种从一个属转到另一个属，甚至一个科分为一百个科。这种状态如继续下去，多样性的评估和监测数据能有多少可比性？最近应用 DNA 监测生态系统分类群复杂性的方法有突破。例如发明了从土壤和其他沉淀物分离 DNA 进行专一序列扩增的方法，有可能对这些生态系统中细菌和小型真核生物的区系给出定性和定量的估计。经典的分离菌种方法既费时间和人力又很难定量。

生物多样性的保存、恢复和持续发展是 Diversitas 的第五个核心课题。“恢复”这个词含糊不清，恢复到一百年前还是一万年前或更早？时空上没有限定，无法讨论。其他两点是以现状为出发点，问题是所有的多样性都要保存并持续发展吗？现在有一些笼统的提法广泛流传，如“动物是人类的朋友”等。特别是在 IUCN 出版的“生物多样性公约指南”中解释公约序言第一句“生物多样性的内在价值”为“独立存在于人类价值之外的生物多样性所有组成部分的固有权力”。这个解释不符合制订公约的目的——“为人类和平和今世后代的利益”。结核杆菌、疟原虫，每年都要夺去百万人的生命，还要保存其自然群体并让其持续发展吗？为了人类的今世后代，消灭其自然种群，把它们保存在实验室里不是更好吗？人类凭什么要去“意识到”自己危险敌人的“固有权力”？应该指出，近年来电视台、报纸等在宣传保护环境和保护生物多样性时，大力宣扬在古代或落后地区，人类与自然是如何协调发展的，如何因现代科学技术的发展而破坏了这种协调，给人类和万物带来灾难。甚至喊出“天人合一”、“天人感应”的口号。大家知道，在科学技术落后的情况下，人类的生存时时受到大自然的威胁，从来没有协调过。有的是“蚊蚋生人，虎狼生肉”。那时人无能为力，只有“感应”“天”的意志，竭力去符合天的意志，否则要受惩罚，甚至有灭顶之灾。天生万物都有神灵，不可毁伤。IUCN 的“固有权力”不正是这种迷信的翻板吗？根本不是“革新”。国外反科学主义思潮近年来抓住环境问题而沉渣浮起，不能等闲视之。科学是促进人类进步还是灾难，每一个科学工作者应该明确地表示自己的意见，决不能把科学重新回归为神学的奴隶。文艺复兴以来，特别是 20 世纪，人类以科学为武器为自己创造了一个前所未有的适于生存和发展的环境。环境污染和生物多样性的损失正是不尊重科学的结果，而且历史证明环境的治理、生物多样性的保护和持续利用也只有依靠科学技术，包括生物技术。例如美国人发现紫杉醇抗癌作用

后,利用生物技术大量生产满足需求,没有破坏红豆杉的自然群体。外来种近来也被国外一些科学家不加分析地一概否定。在人类历史上,外来种对各国文明的发展都有重大贡献。除大豆等少数原产我国外,作物多数是外来种,包括小麦、棉花、玉米、菜豆、苜蓿、苹果、蕃茄、花生、芝麻、马铃薯、蕃薯等。我国原产的大豆、猕猴桃分别在美国、巴西和新西兰成为农业支柱产业,产量超过我国。应该清除的是影响当地社会发展的外来种。一定要具体问题具体分析。对于国内外传媒,包括某些“著名科学家”的看法,一定要坚持分析的观点,只能择其善者而从之。人类历史证明只有坚持科学进步,才能解决我们面临的各种问题走向更美好的未来。相信 21 世纪的科学在 20 世纪伟大成就的基础上也会以出乎我们预料的速度突飞猛进。生物多样性科学和分子生物学、生物技术的结合一定能在生物多样性科学研究、保护和持续利用各方面取得巨大成就。

参 考 文 献

- 达尔文,1954. 物种起源(周建人等译),第一分册. 北京:三联书店,61~70
- 胡志昂,1995. 对我国遗传多样性研究的几点意见. 见:钱迎倩,甄仁德(主编),生物多样性研究进展. 北京:中国科学技术出版社,497~501
- 胡志昂,王洪新,1998. 遗传多样性的定义、研究新进展和新概念. 见:陈宜瑜(主编),生物多样性与人类未来. 北京:中国林业出版社,19~23
- 胡志昂,王洪新,阎龙飞,1983. 裸子植物的生化系统学(一)松科植物的过氧化物酶. 植物分类学报,21: 423~432
- 汤佩松,1983. 对我国植物学今后发展的几点看法. 见:中国植物学会(编),中国植物学会五十周年年会学术报告及论文摘要汇编. 北京:科学出版社,1~4
- 王洪新,胡志昂,钟敏,陆文静,魏伟,恽锐,钱迎倩,1997. 盐渍条件下野大豆群体的遗传分化和生理适应:同工酶和随机扩增多态 DNA. 植物学报,39: 34~42
- 恽锐,王洪新,胡志昂,钟敏,魏伟,钱迎倩,1998. 蒙古栎、辽东栎的遗传分化:从形态到 DNA. 植物学报,40: 1040~1046
- 张亚平,1997. DNA 序列、物种树和保护单元—ESU. 见:胡志昂,张亚平(主编),中国动植物的遗传多样性. 杭州:浙江科学技术出版社,1~6
- 张亚平,宿兵,1997. 大熊猫的遗传多样性. 见:胡志昂,张亚平(主编),中国动植物的遗传多样性. 杭州:浙江科学技术出版社,7~18
- Bodenes C, Labbe T, Pradere S et al, 1997. General vs local differentiation between two closed related white oak species. *Molecular Ecology*, 6: 714~723
- Cherry L M, 1978. Frog perspective on the morphological difference between human and chimpanzees. *Science*, 200: 209~211
- Crick F C, 1958. On protein synthesis. *Symp. Soc. Exp. Biol.*, 12: 138
- Echt C S, DeVerno, Anzieu M et al, 1998. Chloroplast microsatellites reveal population genetic diversity in red pine *Pinus resinosa*. *Ait. Molec. Ecol.* 7: 307~316
- Freiberg C, Fellay R, Bairoch A et al, 1997. Molecular basis of symbiosis between *Rhizobium* and legumes. *Nature*, 387: 394~401
- Hu Zhi_Ang, Wang Hong_Xin, 1994. Discrepancy between molecular and morphological evolution of plants. *Chinese Journal of Botany*, 6: 168~176
- Mosseler A J, Egger K N, Innes D J, 1993. Life history and the loss of genetic diversity in red pine. *American Journal of Botany*, 80: Abstract 240
- Young J P W, Haukka K E, 1996. Diversity and phylogeny of rhizobia. *New Phytology*, 133: 87~94