

## 特色专题

# 基因组时代的植物迁地保护

孙维悦<sup>1,2</sup>, 宋以刚<sup>2</sup>, 马永鹏<sup>3</sup>, 罗世孝<sup>4</sup>, 邱英雄<sup>5</sup>, 郭亚龙<sup>6</sup>, 谭向平<sup>4</sup>, 刘保东<sup>1</sup>, 严岳鸿<sup>1,2\*</sup>

**摘要** 随着人类社会和经济的快速发展,气候变化等因素促使全球生物多样性急剧丧失。植物是生物多样性的核心组成部分,通过迁地保护来拯救濒危植物已经成为植物园的核心工作。总结了基因组测序技术对植物保护的发展和迁地保护的成效与现状,基因组技术为准确识别濒危植物的分类地位、探索濒危植物的种群演化动态和濒危原因、解析全基因组水平的遗传多样性及其对未来气候的适应能力提供了可能。提出基因组学在挖掘功能性和适应性变异基因、鉴定评估物种遗传风险和调控生长发育及次生代等方面有助于濒危植物的保护研究,并针对基因组时代如何推动未来的迁地保育,提出应对建议和未来发展趋势。

**关键词** 生物多样性;昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架;国家植物园;珍稀濒危植物;全球气候变化

生物多样性是人类生存和发展的物质基础<sup>[1]</sup>,但随着人类经济活动的不断加剧以及现代农业和林业的飞速发展,生物多样性正在加速丧失<sup>[2]</sup>,全球超过40%的物种面临灭绝风险<sup>[3-4]</sup>。中国是野生植物资源受到威胁较为严重的国家之一<sup>[5]</sup>。根据生态环境部发布的世界自然保护联盟(IUCN)濒危物种红色名录,中国共涵盖了14520种濒危物种。濒危物种保护是全球共同面临的重大挑战,物种一旦灭绝,其基因资

源会永久性地消失,将直接威胁着人类社会的可持续发展<sup>[6]</sup>。

植物多样性保护主要包括就地保护(*in situ conservation*)和迁地保护(*ex situ conservation*)2种途径<sup>[7]</sup>,就地保护是最有效和最直接的保护措施<sup>[8]</sup>,当原地无法生存或物种自身无法正常繁衍时,需要开展迁地保护对其进行抢救。随着生物多样性丧失的速度加快,保护和管理原地以外的种群(迁地保护)被提议作为避免物种灭绝的一项战略<sup>[9]</sup>,也是国家植物园体系建设的核心任务<sup>[10]</sup>。维持物种生存和演化的核心基础是种群遗传组成<sup>[11]</sup>,因此,基于遗传多样性的管理才是濒危物种保护的核心任务,是人类维持社会和经济可持续发展的根本保障<sup>[12]</sup>。随着对珍稀濒危植物的药用、生态、观赏等价值以及生态资源潜在价值的认识,野生植物基因资源成为国家资源本底和生物战略储备的重要组成部分<sup>[13]</sup>。基因组信息匮乏极大地影响了珍稀濒危植物的保护与利用,因此珍稀濒危植物的遗传信息急需被深入研究和开发利用。

1. 深圳市兰科植物保护研究中心,深圳 518114
2. 上海辰山植物园华东野生濒危资源植物保育中心,上海 201602
3. 中国科学院昆明植物研究所云南省极小种群植物物种综合保护重点实验室,昆明 650201
4. 中国科学院华南植物园,广州 510650
5. 中国科学院武汉植物园,武汉 430074
6. 中国科学院植物研究所,系统与进化植物学国家重点实验室,北京 100093

收稿日期:2024-11-19;修回日期:2025-03-17

基金项目:2024年中央林业草原生态保护恢复资金项目;上海辰山植物园创建国家植物园科研发展专项(GZ003)

作者简介:孙维悦,博士研究生,研究方向为植物学,电子信箱:bywy20209287@163.com;严岳鸿(通信作者),研究员,研究方向为保护生物学,电子信箱:yhyan@sibs.ac.cn

引用格式:孙维悦,宋以刚,马永鹏,等.基因组时代的植物迁地保护[J].科技导报,2025,43(13):42-51;doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2024.11.01608

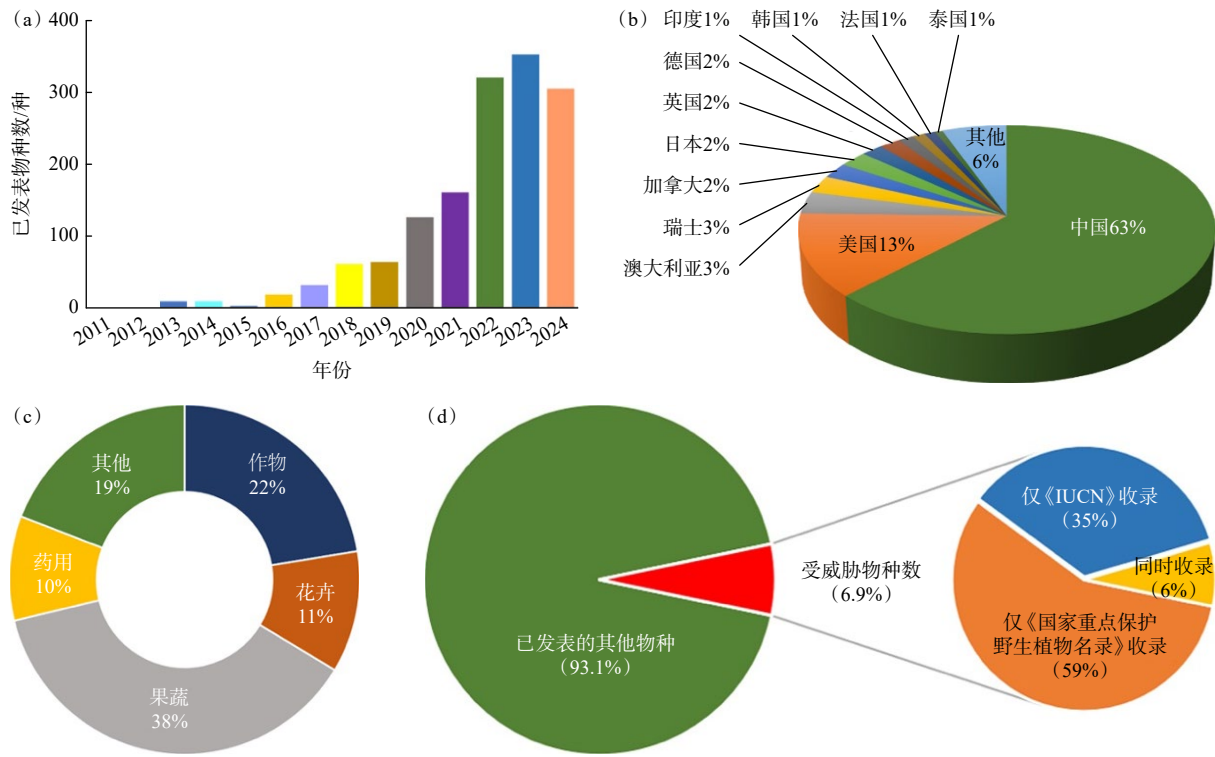
基因组测序技术正在以惊人的速度增长,基因组学的研究将成为未来全球遗传多样性分析和监测的基础<sup>[14-16]</sup>。目前,基因组技术有助于更好地理解生物种群的生长发育、遗传变异情况及适应性进化的关键机制,在生物多样性评估和引种保育中发挥着至关重要的作用。大规模的分子数据集可推断个体间亲缘关系,对于精确划分和回归保护单元至关重要,并可藉此进一步提出科学合理的保护策略。本文探讨基因组时代植物迁地保护中,基因组技术如何拯救生物多样性,以及在植物迁地保护中存在的一些问题和未来发展趋势,希望能为植物迁地保护提供参考。

### 1 基因组测序技术对植物保护的发展

脱氧核糖核酸(DNA)双螺旋结构的发现将生物学研究带入分子时代<sup>[17]</sup>。在对于DNA测序技术的研发上实现了多个阶段性的突破,基因测序技术的诞生可以追溯到20世纪50—60年代<sup>[18]</sup>。基因组学包括基因组测序技术、基因注释和变异检测技术等,其中基因组测序技术是基因组学的核心工具。第一代测序技术—放射性同位素标记技术是解码人类基因

组的主力技术<sup>[19]</sup>。但价格昂贵、操作繁琐等局限性成为进一步探索生命奥秘的障碍。直到20世纪末,第二代测序技术—高通量测序平台的出现实现了快速高通量测序<sup>[20]</sup>,该技术持续更新,能够同时获取数十万到数百万条序列测序。但高通量测序序列读长普遍较短,且单条序列测序错误率高。因此第三代测序技术—长读长测序技术(单分子测序技术)应运而生<sup>[21]</sup>,PacBio单分子实时测序技术和纳米孔测序技术可以直接实现数十万个碱基的长序列测定,每一次迭代都极大地提高了测序的通量和效率,能够更好地解析基因组中的复杂结构变异<sup>[22]</sup>。伴随测序技术的不断完善和进步,如今基因组测序技术已广泛应用在各领域科学研究中。

尽管测序技术的发展极大加速了基因组测序工作,但与数以百万计的物种相比依然存在巨大差距。植物基因组具有超高的复杂性和多样性,2000年,第一个植物基因组:拟南芥(*Arabidopsis thaliana* L. Heynh.)基因组草图发布<sup>[23]</sup>;中国完成了第一个单子叶模式作物水稻(*Oryza sativa* L.)基因组框架图和精细图<sup>[24]</sup>。截至目前共发表2800多个植物基因组,其中被子植物占82%,多为近4年内发表(图1(a))。已发表



(a) 近年来发表的植物基因组物种数; (b) 根据不同发表国家划分; (c) 根据不同功能用途划分; (d) 已经测序的受威胁的植物

图1 已发表基因组统计

植物基因组共涵盖 73 个目 223 个科 1584 种,其中中国参与完成了 63% 的基因组测序(图 1(b))。植物基因组测序初期主要集中在基因组较小、倍性低且具有重要经济价值的模式植物,目前的测序物种从最初的实用性物种逐渐倾向于经济作物、果蔬、花卉、药用等功能物种(图 1(c))。根据《国家重点保护植物名录 2021》,发现受威胁野生植物资源基因组研究较少(图 1(d))。可借助濒危物种的参考基因组信息找出濒危物种的共性濒危规律及分布区转变,以深入解析濒危物种的濒危机制。

## 2 植物迁地保护的成效与现状

### 2.1 全球植物迁地保护的现状

迁地保护,也称为非原生境保护或异地保护,主要针对极度濒危的、保护地范围尚未覆盖的、需要人工辅助生存的受威胁野生物种,以整株、种子、花粉、营养繁殖体、组织或细胞培养物的形式采取有针对性的抢救性保护措施<sup>[25]</sup>。迁地保护是对就地保护的重要补充,也为防止野外物种灭绝提供了至关重要的备份。植物迁地保护包括传统的植物园、种质资源圃、种子库和生物基因库等场所<sup>[26]</sup>。建立植物园的原初动机并不是为了植物保护,早期的植物园集中在栽培、研究和试验药用植物<sup>[27]</sup>;后对农作物的引种驯化与传播起了关键作用<sup>[28]</sup>,相继承担濒危物种收集、在栖息地破坏或退化期间保存濒危植物的任务<sup>[29]</sup>。例如,鹿特丹皇家动物园对濒危植物帕利努里报春花研制了一套行之有效的通过种子繁殖的栽培与繁殖的稳定规程,显著提升了迁地保护过程中植物的存活率<sup>[30]</sup>。

根据国际植物园保护联盟(BGCI)全球植物园数据库统计,截至 2024 年 12 月 31 日,全球共有 2652 个植物园,其中 66 个植物园建立了保育研究所,105 个植物园建立了种质资源库,共收集保存约 40% 的濒危植物物种,包括已经野外灭绝的物种。除收集活体植物外,全球 74 个国家 370 个植物园的种子库保存了 57051 种野生植物的种子<sup>[31]</sup>。

### 2.2 中国植物迁地保护成效

随着生态文明建设和保护意识的提高,植物园肩负起珍稀濒危植物迁地保护的使命。植物园建设受到了前所未有的重视,数量迅速增加。据不完全统

计,目前全国已建成或在建的植物园总数位居世界前列<sup>[32]</sup>,已建野生植物种质资源保护和培育基地 400 多处,其中西南野生生物种质资源库是亚洲最大的野生生物种质资源库,使珍稀濒危野生生物种质资源,尤其是中国的特有种,以及具有重要经济、生态和科学研究价值物种的安全得到了有力保障。虽然中国重点保护野生植物的迁地保护种类丰富,但分布和发展并不均衡,大多数分布在经济发达地区,少部分区域的植物迁地保护还未覆盖<sup>[33]</sup>。

植物园迁地保护在物种水平上实现“从种子到种子”,已经取得初步成效。例如,中国科学院武汉植物园完成了对中国一级保护植物荷叶铁线蕨(*Adiantum nelumboides*)的人工培育、分株繁殖、孢子繁殖和野外回归,同时在长江三峡库区建立异地人工群落<sup>[34]</sup>。1933 年,云南文山州老君山自然保护区首次发现云南金钱槭(*Dipteronia dyeriana*),中国科学院昆明植物园“极小种群野生植物专类园”的研究人员,经过栽培、繁殖、管理等措施,完成了从种子到种子的生命周期,解决了此种国家二级重点保护植物的繁殖与栽培问题<sup>[35]</sup>。华南国家植物园通过播种、扦插和组织培养繁育,解决中国特有单种属濒危植物猪血木(*Euryodendron excelsum*)繁育障碍,成功野外回归<sup>[36]</sup>。由于中国对植物资源的收集和迁地保护起步相对较晚,对植物迁地保护的评价仅停留在遗传性和适应性的评价上,而没有涉及到保护的科学性、有效性等方面,综合性的、大规模的迁地保护野生植物评价的研究内容较少。植物园迁地保护研究应该更多地关注物种生存潜力,分析不同种群的遗传方式,有效提升植物的存活率。同时还需要对物种的遗传多样性进行剖析,应对全球气候变化下野外回归成活率。

## 3 基因组学助力珍稀濒危植物保护

对珍稀濒危物种开展就地保护和迁地保护均以减缓或解决其遗传风险、保护物种的遗传进化潜力为目标<sup>[37]</sup>。珍稀濒危植物多为物种数量稀少、分布范围狭窄,面临灭绝危险,并且物种古老,遗传背景复杂。为深入探索珍稀濒危植物对环境的适应能力、生长发育调控、评估系统发育关系和遗传风险,对珍稀濒危植物在基因组学分子水平进行保护与开发。如珙桐

(*Davidia involucrata*)、银杏(*Ginkgo biloba*)、铁皮石斛(*Dendrobium catenatum*)、中华水韭(*Isoetes sinensis*)等多种珍稀濒危植物完成了基因组学测序。

### 3.1 揭示适应性遗传变异

全球气候不断变化,使得许多植物都面临着灭绝的风险,珍稀濒危植物在长期响应地势严峻、气候极端变化的恶劣生境的过程中,形成了独特的环境适应机制,是深入研究植物对环境的适应性演化能力、挖掘抗逆基因的优良材料。

在研究珍稀濒危植物适应环境变化过程中,可以对珍稀濒危植物进行基因组测序,通过比对已知基因组序列,进行基因功能注释,识别与表型和适应性相关的候选基因,从而挖掘调控珍稀濒危植物适应性次生代谢通路、信号转导机制的功能性基因。对高强度紫外辐射与极度干旱等逆境条件有极强适应性的一级保护野生植物发菜(*Nostoc flagelliforme*),利用二代和三代测序构建了完整的发菜基因组,分析表明光合机构保护、单不饱和脂肪酸合成、紫外辐射响应、鸟氨酸代谢相关基因的表达扩增使得发菜可以很好地适应极端环境<sup>[38]</sup>。利用 PacBio+Hi-C 技术构建了濒危植物珙桐(*Davidia involucrata*)的高质量基因组分析其对环境的适应能力,与其近缘种基因组相比,光合作用相关的基因在珙桐苞片中几乎缺失,而抗菌、抗冷等抗逆相关基因在苞片中高度表达,表明当气候变化时防御相关的基因在调控苞片保护和吸引传粉者方面起重要作用。因此在针对珙桐资源保护时,应充分考虑其对气候的敏感性<sup>[39]</sup>。

同时,基因组学还可以为种内和种间基因组变异提供框架,用于识别与适应性相关的候选基因,阐明复杂的基因组特征及结构变异,有助于识别潜在的表型特征、适应性变异和适应性潜力的功能遗传变异。例如,珍稀濒危植物政和杏(*Prunus zhengheensis*),通过与已公布的杏组基因组构建了杏组泛基因组,并鉴定出在响应低温胁迫时转录因子 *HSF1d* 基因的启动子区域存在插入,而政和杏和梅不存在该插入,也进一步为政和杏与杏的生态分布机制提供新见解<sup>[40]</sup>。疏花水柏枝(*Myricaria laxiflora*)是长江流域天然存在的宝贵植物资源,借助三代 PacBio HiFi 和 Hi-C 等技术构建了高质量染色体水平的疏花水柏枝基因组,分析发现发生分化时存在一个长末端重复(LTR)插入,

显示疏花水柏枝的特有基因家族与能量代谢和信号转导密切相关;在淹水条件下, *MIERF-VII* 基因调控光合作用减弱,生长停滞,糖酵解被激活,抗氧化酶系统增强<sup>[41]</sup>。

基因组学有助于估计受威胁物种中等位基因和基因型的相对适应性,通过 WGBS 数据与表型数据相结合比较具有不同表型的个体,基因型-表型关联可以辅助濒危物种育种。如极度濒危亚洲红木交趾黄檀(*Dalbergia cochinchinensis*)和榄色黄檀(*Dalbergia oliveri*),采用综合测序分析在交趾黄檀中“最干旱季节降水”与 3 号染色体的单核苷酸多态性(SNP)具有最强的基因环境关联,该 SNP 位于泛素样特异性蛋白酶的同源基因中,结合转录组学分析发现,与其他豆科植物相比,泛素相关蛋白的比例过高,为进一步研究泛素相关蛋白在交趾黄檀适应水份供应中的功能提供了依据。榄色黄檀的差异主要发生在沿海和内陆地区,受湿季降水驱动,越南东部沿海地区在环境关联方面表现出强烈差异<sup>[42]</sup>。大量研究报道表明,基因组数据能够快速且准确挖掘出植物对环境变化适应的功能基因,更多对环境的适应性相关进化机制正被揭示,这对珍稀濒危植物野外回归对环境的适应性有至关重要的意义。

### 3.2 评估系统发育关系和遗传风险

了解物种之间的关系是进行系统分类的基础,生命之树是研究物种起源和进化的基本框架<sup>[43]</sup>,正确识别物种的分类地位是物种保护的前提。基因组序列记载了物种进化的全部过程,为发现隐存种和识别近缘物种提供了新的解决办法<sup>[44]</sup>。比起传统的形态学鉴定,特别是因某物种灭绝而导致不完整的系统发育关系,基因组序列可以重建物种演化过程中的多倍化历史,更清晰、更真实地反映物种发育关系<sup>[45]</sup>。例如,中国特有的禾本科植物华山新麦草(*Psathyrostachys huashanica*)是国家一级保护野生植物,利用 PacBio+Hi-C 技术构建了华山新麦草的基因组,注释发现新麦草中存在 449 个特有的基因,且与小麦具有很近的亲缘关系<sup>[46]</sup>。胡桃科(Juglandaceae)根据形态特征和基因组序列建立的系统发生树存在拓扑结构上的冲突,由于胡桃科内存在物种之间的杂交形成的异源多倍化,传统的二叉树无法反映物种之间真实的系统发生关系,从头组装了胡桃科最基部类群马尾树(*Rhoip-*

*telea chiliantha*)以及黄杞(*Engelhardia roxburghiana*)染色体水平基因组,利用稳健的基因组结构变异信息重构胡桃科亚基因组水平的系统发生树,支持胡桃科的异源多倍化起源与杨梅科有关,化香树族与黄杞族为姊妹群<sup>[47]</sup>。确定保护对象和保护单元的系统分类地位,有助于制定更加精准的保护策略,避免因误判而导致保护措施不当。

近交繁殖会使隐性有害基因在子代中积累,导致子代存活率降低,基因型的丧失降低遗传多样性是近交衰退的直接表现<sup>[48]</sup>。基因组测序技术可以精确定位基因座数量以及有害隐性等位基因。典型的“极小种群”华盖木(*Manglietiastrum sinicum*)呈现遗传多样性高遗传分化低的特点,是由于基因组中衍生的纯合子积累大量的有害等位基因(HoDA)<sup>[49]</sup>,使得华盖木经历3次严重的遗传瓶颈。在对华盖木保护措施优化时,应注意遗传管理单元(MU)的划分、以减少近亲繁殖造成的遗传多样性损失。蕨类植物有其独特的繁殖方式,桫欏科(Cyatheaceae)是一类形态独特的同型孢子植物,既可以像被子植物一样进行配子体间异交或自交,又可以通过配子体产生的卵子和精子结合完成配子体内自交。尽管桫欏具有广泛的地理分布,但其表现出极低的遗传多样性,种群规模长期处于持续下降状态,对3种桫欏属植物进行的全基因组重测序分析,系统地比较了同型孢子蕨类植物基因组水平的近交和遗传负荷,结果显示桫欏(*Alsophila spinulosa*)表现出极高的近交,而中华桫欏(*A. costularis*)和阴生桫欏(*A. latebrosa*)则主要为异交。长期的近交加强了种群的净化作用效率,有效清除了群体内强有害突变,维持了桫欏的长期生存<sup>[50]</sup>。重要的花卉育种种质资源朱红大杜鹃(*Rhododendron griersonianum*)仅残存2个野生居群,对朱红大杜鹃构建染色体水平的高质量全基因组,结合重测序、群体历史分析,结果表明,朱红大杜鹃基因组中显著积累的纯合有害突变从而导致种群数量稀少<sup>[51]</sup>。珍稀濒危植物在植物园内与近缘种发生种间杂交是必然的,种群的遗传混杂或遗传污染是迁地保护管理需高度重视的问题之一。基因组学有助于珍稀濒危植物的遗传结构分析、物种迁移路线推测、相近种属间的分类,为迁地育种等方面奠定基础。

### 3.3 调控生长发育及次生代谢

植物自身的生物学特性会影响其存活的能力,也

是导致物种濒危的主要原因。很多濒危植物种群数量少并难以进行修复,是由于自身存在生长缓慢、结籽困难、花药败育、种子休眠、种子传播困难等生殖上的障碍<sup>[52]</sup>。如苏铁类植物均为雌雄异株,其生长缓慢,多在10年以上开花时才能判断性别,且在适宜的环境才会开花,从而导致种群数量越来越少。基于长片段和MGI-SEQ测序并结合Hi-C数据获得高质量攀枝花苏铁(*Cycas panzhihuaensis*)基因组并结合62株雌雄苏铁群体测序分析,和雄性Y染色体的组装,找到雌雄表达差异最大的一个基因来自雄株的Y染色体,该基因编码MADS-box转录因子,推测其调控雌雄苏铁的性器官发育<sup>[53]</sup>,可以在进入花期前就确定性别,对于苏铁类植物的就地和迁地保护和园林培育具有重要意义。东亚特有的第三纪孑遗落叶林植物连香树(*Cercidiphyllum japonicum*)种子极小,花结构简单,无花被、无蜜腺和气味,为短距离风媒传粉植物,很难与较远距离的不同种群进行基因交流,造成自我更新困难。通过基因组扫描和选择分析在连香树基因组上鉴定到有4段平衡选择区间主要含有与应激反应、控制开花时间、植物生长发育相关的基因<sup>[54]</sup>。兰花植物有性繁殖困难的最主要原因是种子极细小且发育不完整,在萌发阶段依靠与真菌共生。研究发现真菌共生又分为部分真菌异养(紫兰舌唇兰 *Platanthera zijinensis*)和完全真菌异养(广东舌唇兰 *P. guangdongensis*)的一对“姐妹”兰花,组装2种舌唇兰的基因组并结合其他已测序的兰花基因组数据进行比较分析,当从初始真菌异养到部分真菌异养再到完全真菌异养过程中,参与光合作用基因、光感受器基因和生长素转运蛋白基因缺失,导致完全真菌异养的兰花产生无叶和无根的表型。同时还发现可以持续表达海藻糖水解酶基因,使兰花能够消化菌丝中的海藻糖,将真菌作为营养源,黑暗是真菌异养进化过程中重要的环境因素,可为兰花的繁育提供基础<sup>[55]</sup>。

基因组技术在探究濒危植物外观发生变异的生长调控机制中同样发挥了重要作用。鼓槌石斛(*Dendrobium chrysotoxum* Lindl.)的花呈金黄色,花量大,具有非常高的观赏价值,但其花期短不利于观赏。对鼓槌石斛进行全基因组测序,调控花部器官发育的MADS-box基因家族调控鼓槌石斛的花被片呈金黄色类胡萝卜素的代谢通路,叶黄素较少降解为脱

落酸,导致更多乙烯产生加速了花的衰老,这可能是鼓槌石斛花色金黄艳丽而开花时间短的原因<sup>[56]</sup>。从古至今以其良好的木材特性而闻名海内外的二级珍稀保护植物闽楠(*Phoebe bournei*),通过 PacBio+Illumina 测序鉴定了 5 个参与光形态发生的 *FIN219-like* 基因和 2 个参与光信号介导茎发育的 *SAUR50-like* 基因,使得闽楠向阳而生,从而形成了笔直的树干<sup>[57]</sup>。研究证实通过基因组测序技术能够在珍稀濒危植物中高效筛选出调控发育的关键基因,在阐释植物体特化性状的形成原因和遗传规律等方面提供了大量理论支持。

植物提取的次生代谢产物常作为药物成分的重要来源,过度开采使得濒临灭绝的药用植物数量连年增长。利用基因组测序技术可以挖掘调控基因和关键酶来确定活性化合物代谢通路。紫杉醇具有显著的抗癌功效,红豆杉属植物在树皮和木材中可分离得到紫杉醇类粗提物,在经济利益诱惑下,人类掠夺式盗伐导致其濒临灭绝,构建南方红豆杉(*Taxus chinensis var. mairei*)染色体水平的参考基因组,比较

基因组、转录组和代谢组数据系统分析表明,在进化过程中红豆杉保留了独特的 Gypsy 和 Copia 转座子家族和大量紫杉醇合成相关基因<sup>[58]</sup>。具有养阴生津、润肺明目、抗癌防老等功效,被誉为中华“九大仙草”之首的铁皮石斛(*Dendrobium officinale*),通过 PacBio+Illumina+Hi-C 测序技术构建染色体水平的铁皮石斛基因组,结合比较基因组、转录组、化学成分分析发现,在水杨酸刺激下,对铁皮石斛中与多糖、生物碱和黄酮类药物活性成分合成相关的关键酶基因进行挖掘,*MWLI* 基因与铁皮石斛产量提高有关<sup>[59]</sup>。神经酸是一种超长链不饱和脂肪酸,对提高脑神经活力、修复脑损伤,防止脑神经衰老有重要作用。典型的极小种群野生植物蒜头果(*Malania oleifera*)是迄今报道的神经酸含量最高的植物,获得了染色体级别的高质量基因组,鉴别了 26 个与神经酸合成相关的基因,在种子初始发育期神经酸开始合成和中后期神经酸大量合成和累积<sup>[60]</sup>。这也意味着基因组测序对调控代谢通路合成化合物,保障濒危药用植物资源可持续再生具有重要意义(图 2)。

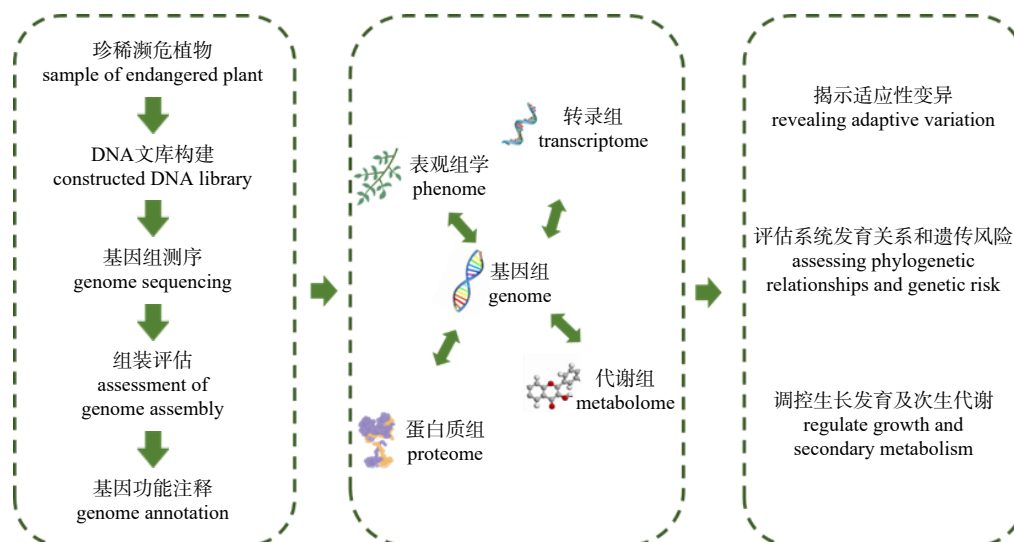


图 2 基因组助力濒危植物保护示意

#### 4 基因组时代如何推动未来的迁地保育

基因组学不仅可以为传统物种保护提供更强的支持,还可以更深入探讨物种适应环境变化的分子机制和遗传基础。在基因组时代,植物迁地保护工作面临着新的机遇和挑战。

##### 4.1 确保数据的规范化实现数据共享

如何从基因组数据中提取用于指导濒危植物迁

地保护研究的有用信息也是一个挑战。基因组数据量大、信息复杂,借助机器学习和人工智能(AI)算法自动化分析数据任务,识别复杂模式,并辅助生物学解释时,仍不可避免过度拟合和错误解读<sup>[61]</sup>。正确解读需要专业的生物学知识才能从海量的数据中提取出有价值的信息,从而为迁地保护和野外回归提供准确的指导。在分析数据时,需要考虑测序深度、样本

代表性、基因选择压力等因素以避免得出错误的结论。

此外,基因组数据在迁地保护应用中规范化和数据整合也是一个新的挑战。基因组测序的样本多为野生植株,在处理过程中可能受到其他生物或环境的污染,导致基因组测序数据不准确。在测序过程中还可能出碱基读取、插入缺失等错误,以及随着时间的推移,样本收集过程中动态变化影响测序的准确性<sup>[62]</sup>。不同平台和技术产生的基因组学数据存在着巨大的异质性,包括测序深度、序列质量和数据类型等,数据异质性给整合和分析带来了巨大的技术障碍。为了解决数据整合问题,将基因组数据规范为 FASTA、FASTQ、GFF 等标准格式<sup>[63]</sup>,但使用过程中部分标准存在争议,还需要不断改进,以确保数据的共享性和数据库的时效性和安全性。

#### 4.2 建立全球性的生物多样性基因组数据库

遗传资源数字序列信息(DSI)是《生物多样性公约》第十五次缔约方大会(COP15)谈判的核心议题之一。DSI 主要指以数字方式存储和转移的遗传资源的基因序列信息,在生物多样性描述识别、生物分类、生境变化监测等方面都具有重要应用价值。其纳入到“昆蒙框架”的推进进程,意味着将建立一个利用遗传资源数字序列信息惠益共享的多边机制<sup>[64]</sup>。

DSI 的应用改变了传统方式,实现遗传资源的保护和开发利用。目前遗传资源丰富的地方一般集中在发展中国家,在 DSI 基础设施、数据库海量信息等领域实力相对较差,而亟需加强生物多样性保护地区也集中于此<sup>[65]</sup>。《中国生物多样性保护战略与行动计划(2023—2030年)》中强调了生物遗传资源的获取与惠益分享的重要性,并提出了到2030年分享制度基本确立的目标,目前已建立国家基因组科学数据中心(CNCB-NGDC)、国家微生物科学数据中心(NMDC)等,为 DSI 数据的汇交管理和挖掘应用提供基础性保障和支撑。

#### 4.3 提升濒危植物基因组计划行动及影响力

从 DNA 双螺旋结构被人类发现,到“人类基因组计划”宣告完成,再到如今更为宏大的全球性项目:“地球生物基因组计划”(Earth BioGenome Project, EBP),全球范围内绘制所有已知植物、动物、真菌和其他微生物生命全面测序。英国宣布已启动“达尔文生命之树项目”(Darwin Tree of Life Project),将完成

6万种物种的基因组测序,实现对地球上所有复杂生命进行测序。目前已发表基因组序列主要集中在动物,大量的野生资源物种基因组还未能涉及,对植物基因组多样性的了解带来极大的局限。万种植物基因组计划将提高对植物基因组多样性的认识,同时也给濒危物种保护提供重要的遗传资源。

随着保护意识增强和项目启动,预计未来需要针对珍稀濒危物种开展测序计划。如地球生物基因组计划(EBP)提出优先对 IUCN 红色名录收录的濒危物种基因组进行测序,解析濒危物种的濒危机制,找出共性濒危规律,为拯救濒危物种提出新的方案。

#### 4.4 加强与保护策略的整合

传统迁地保护是将濒危植物引入植物园等异地生长、繁殖产生可育的种子或可延续后代的繁殖体,需对引种植物进行长期的管理、监控,对种子萌发、育苗、生长发育规律、适应性等进行系统的研究。基因组学可以用于物种鉴定,评估物种的遗传多样性和遗传结构,分析物种的适应能力和抗逆性,及时发现潜在的遗传问题并采取相应的措施,为制定保护策略和生态恢复、管理提供重要参考。因此,将基因组学技术与传统迁地保护策略相结合,有助于提高保护工作的精确性和有效性。

#### 4.5 开展多组学分析助力迁地保护

随着生物学的不断深入,组学技术帮助解决众多生命现象。逐渐发现单一组学的数据已无法满足对生物系统全貌的理解。因此除了对珍稀濒危植物开展基因组学研究外,还可以将不同组学层次的数据(如基因组、转录组、表观基因组、蛋白组、代谢组等)整合起来进行分析,弥补单组学的局限性,发现潜在的生物学规律和机制,全面了解生物体内不同分子层次之间的相互关系。

转录组、蛋白组、代谢组、表观基因组和单细胞组学等在珍稀濒危植物保护的相关研究中同样发挥重要作用。植物的生长发育过程通常为蛋白质表达水平变化的结果,这种变化难以在基因组水平挖掘,利用转录组、蛋白组和代谢组测序技术可阐明珍稀濒危植物体内蛋白质的种类与作用关系。表观遗传组学常用于探索珍稀濒危植物表型可塑性与环境适应性关系,实现珍稀濒危植物的人工扩繁。利用单细胞转录组技术得到单个细胞的全部转录本信息,能够更

加准确地解释单个细胞中的基因表达情况及细胞异质性现象,为珍稀濒危植物对环境响应机制的研究提供更全面的数据支持。

## 5 结论

全基因组测序技术在濒危物种的迁地保护中发挥重要作用,尤其是对挖掘功能性和适应性变异基因、调控生长发育和次生代谢、物种鉴定和构建系统发育关系,以及遗传风险评估等方面。在植物园建设迁地保护工作中,应优先考虑种群遗传因素及进化的潜力,建议将基因组测序技术加强与保护策略的整合和开展多组学分析相结合,以更好地开展濒危物种的保护和恢复。

### 参考文献(References)

- [1] Bongaarts J. Summary for policymakers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science–Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services[J]. *Population and Development Review*, 2019, 45(3): 680–681.
- [2] Ceballos G, Ehrlich P R, Raven P H. Vertebrates on the brink as indicators of biological annihilation and the sixth mass extinction[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2020, 117(24): 13596–13602.
- [3] Antoneli A, Fry C, Smith R J, et al. State of the world's plants and fungi, 2023[M]. UK, Kew: Kew Royal Botanic Gardens, 2023, 1–90.
- [4] Cheek M, Lughadha E N, Kirk P, et al. New scientific discoveries: Plants and fungi[J]. *Plants, People, Planet*, 2020, 2(5): 371–388.
- [5] 覃海宁, 赵莉娜. 中国高等植物濒危状况评估[J]. *生物多样性*, 2017, 25(7): 689–695.
- [6] Barnosky A D, Matzke N, Tomiya S, et al. Has the Earth's sixth mass extinction already arrived?[J]. *Nature*, 2011, 471(7336): 51–57.
- [7] 孙卫邦. 关于我国植物迁地保护的思考[J]. *广西植物*, 2025, 45(3): 406–412.
- [8] Laguna E, Deltoro V I, Pérez-Botella J, et al. The role of small reserves in plant conservation in a region of high diversity in eastern Spain[J]. *Biological Conservation*, 2004, 119(3): 421–426.
- [9] Raven P H. *Ex situ* plant conservation: Supporting species survival in the wild[M]. Washington, D. C.: Island Press, 2013.
- [10] 文世峰, 周志华, 何拓, 等. 《国家植物园体系布局方案》编制背景、程序、思路和重点考虑[J]. *生物多样性*, 2023, 31(9): 5–10.
- [11] Guttman S I. Population genetic structure and ecotoxicology[J]. *Environmental Health Perspectives*, 1994, 102(Suppl 12): 97–100.
- [12] Berrens R P. The safe minimum standard of conservation and endangered species: A review[J]. *Environmental Conservation*, 2001, 28(2): 104–116.
- [13] 李德铎, 蔡杰, 贺伟, 等. 野生生物种质资源保护的进展和未来设想[J]. *中国科学院院刊*, 2021, 36(4): 409–416.
- [14] Ellegren H, Galtier N. Determinants of genetic diversity[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2016, 17(7): 422–433.
- [15] Meuwissen T H E, Sonesson A K, Gebregiwe G, et al. Management of genetic diversity in the era of genomics[J]. *Frontiers in Genetics*, 2020, 11: 880.
- [16] Kardos M, Armstrong E E, Fitzpatrick S W, et al. The crucial role of genome-wide genetic variation in conservation[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, 118(48): e2104642118.
- [17] 郭继鸿, 田轶伦. 一纸改变人类: DNA双螺旋结构发现60周年[J]. *临床心电学杂志*, 2014, 23(3): 150, 239, 216.
- [18] 李律瑄, 李招应. 基因组学技术在生物多样性保护研究应用中面临的挑战及应对策略[J]. *中阿科技论坛(中英文)*, 2024(1): 89–93.
- [19] Fakruddin M, Chowdhury A. Pyrosequencing—an alternative to traditional Sanger sequencing[J]. *American Journal of Biochemistry and Biotechnology*, 2012, 8(1): 14–20.
- [20] Quail M A, Kozarewa I, Smith F, et al. A large genome center's improvements to the Illumina sequencing system[J]. *Nature Methods*, 2008, 5(12): 1005–1010.
- [21] Rhoads A, Au K F. PacBio sequencing and its applications[J]. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2015, 13(5): 278–289.
- [22] Karst S M, Ziels R M, Kirkegaard R H, et al. High-accuracy long-read amplicon sequences using unique molecular identifiers with Nanopore or PacBio sequencing[J]. *Nature Methods*, 2021, 18(2): 165–169.
- [23] Initiative T A G. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*[J]. *Nature*, 2000, 408(6814): 796–815.
- [24] Yu J, Hu S N, Wang J, et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. indica)[J]. *Science*, 2002, 296(5565): 79–92.
- [25] Oldfield S, Newton A C. Integrated Conservation of Tree Species by Botanic Gardens: A Reference Manual[M]. UK, Richmond: Botanic Gardens Conservation International, 2012.
- [26] Pritchard D J, Fa J E, Oldfield S, et al. Bring the captive closer to the wild: Redefining the role of *ex situ* conservation[J]. *Oryx*, 2012, 46(1): 18–23.

- [27] Abeli T, Dalrymple S, Godefroid S, et al. *Ex situ* collections and their potential for the restoration of extinct plants[J]. Conservation Biology, 2020, 34(2): 303–313.
- [28] 周桔, 杨明, 文香英, 等. 加强植物迁地保护, 促进植物资源保护和利用[J]. 中国科学院院刊, 2021, 36(4): 417–424.
- [29] Hill A W. The history and functions of botanic gardens[J]. Annals of the Missouri Botanical Garden, 1915, 2(1/2): 185.
- [30] Nederlof L J, Aronne G, Mugnai S. The cultivation of *Primula palinuri* Petagna for *ex situ* conservation: Lessons learned from the Royal Rotterdam Zoological and Botanical Gardens[J]. Sibbaldia: the International Journal of Botanic Garden Horticulture, 2024(23): 1–10.
- [31] BGCI Garden Search Database[EB/OL]. [2025–05–21]. [https://tools.bgci.org/garden\\_search.php](https://tools.bgci.org/garden_search.php).
- [32] 黄宏文, 廖景平. 论我国国家植物园体系建设: 以任务带学科构建国家植物园迁地保护综合体系[J]. 生物多样性, 2022, 30(6): 193–209.
- [33] 焦阳, 邵云云, 廖景平, 等. 中国植物园现状及未来发展策略[J]. 中国科学院院刊, 2019, 34(12): 1351–1358.
- [34] 黄桂云. 三峡特有珍稀濒危植物荷叶铁线蕨繁育及应用关键技术研究[EB/OL]. (2021–12–16) [2025–06–20]. [https://kns.cnki.net/kcms2/article/abstract?v=C4JADW50D8sqUCAMIDeS1-lbe9mma1K1h1wcvKe7AxOPtk7mcEgchl0uc0PW4JvoZhep9XZRFdF8ZOCwrpoyBm74E\\_93Y6N1WCVeUuwBntYVjmV2zjoGjRubmCRGtoLPeQkf5Ta7-P0IO4YSHfPAdsH6V9B\\_WdC7V7UHM-n0R-YbfC4VyrU-fYQ=&uniplatform=NZKPT&language=CHS](https://kns.cnki.net/kcms2/article/abstract?v=C4JADW50D8sqUCAMIDeS1-lbe9mma1K1h1wcvKe7AxOPtk7mcEgchl0uc0PW4JvoZhep9XZRFdF8ZOCwrpoyBm74E_93Y6N1WCVeUuwBntYVjmV2zjoGjRubmCRGtoLPeQkf5Ta7-P0IO4YSHfPAdsH6V9B_WdC7V7UHM-n0R-YbfC4VyrU-fYQ=&uniplatform=NZKPT&language=CHS).
- [35] 季征. “植物王国”云南生物多样性保护“活样本”[J]. 科学大观园, 2022(10): 22–25.
- [36] 朱汉斌, 黄瑞兰. 华南植物园迁地保育珍稀濒危植物1027种[N]. 中国科学报, 2024–07–17(3).
- [37] 康明, 叶其刚, 黄宏文. 植物迁地保护中的遗传风险[J]. 遗传, 2005, 27(1): 160–166.
- [38] Shang J L, Chen M, Hou S W, et al. Genomic and transcriptomic insights into the survival of the subaerial *Cyanobacterium Nostoc flagelliforme* in arid and exposed habitats[J]. Environmental Microbiology, 2019, 21(2): 845–863.
- [39] Chen Y, Ma T, Zhang L S, et al. Genomic analyses of a “living fossil”: The endangered dove–tree[J]. Molecular Ecology Resources, 2020, 20(3): 756–769.
- [40] Dai X K, Xiang S Z, Zhang Y L, et al. Genomic evidence for evolutionary history and local adaptation of two endemic apricots: *Prunus hongpingensis* and *P. zhengheensis*[J]. Horticulture Research, 2024, 11(4): uhad215.
- [41] Wang Q, Ding B, Wang C Y, et al. Chromosome–scale genome assembly clarifies the mechanism of flooding tolerance and evolutionary history of *Myricaria laxiflora*[J]. Industrial Crops and Products, 2024, 215: 118595.
- [42] Yang J L, Liu M, Sahu S K, et al. Chromosome–scale genomes of five Hongmu species in Leguminosae[J]. Scientific Data, 2023, 10(1): 710.
- [43] Hug L A, Baker B J, Anantharaman K, et al. A new view of the tree of life[J]. Nature Microbiology, 2016, 1: 16048.
- [44] 景昭阳, 程可光, 舒恒, 等. 全基因组重测序方法在濒危植物保护中的应用[J]. 生物多样性, 2023, 31(5): 172–183.
- [45] Kapli P, Yang Z H, Telford M J. Phylogenetic tree building in the genomic age[J]. Nature Reviews Genetics, 2020, 21(7): 428–444.
- [46] 李忠虎. 华山新麦草基因组测序研究进展[C]. 第十届全国小麦基因组学及分子育种大会, 2025.
- [47] Ding Y M, Pang X X, Cao Y, et al. Genome structure–based Juglandaceae phylogenies contradict alignment–based phylogenies and substitution rates vary with DNA repair genes[J]. Nature Communications, 2023, 14(1): 617.
- [48] 陈进, 杨玺. 关于植物迁地保护若干问题的讨论[J]. 生物多样性, 2024, 32(2): 24064.
- [49] Cai L, Liu D T, Yang F M, et al. The chromosome–scale genome of *Magnolia sinica* (Magnoliaceae) provides insights into the conservation of plant species with extremely small populations (PSESP)[J]. GigaScience, 2024, 13: giad110.
- [50] Huang X, Wang W L, Gong T, et al. The flying spider–monkey tree fern genome provides insights into fern evolution and arborescence[J]. Nature Plants, 2022, 8(5): 500–512.
- [51] Ma H, Liu Y B, Liu D T, et al. Chromosome–level genome assembly and population genetic analysis of a critically endangered *Rhododendron* provide insights into its conservation[J]. The Plant Journal, 2021, 107(5): 1533–1545.
- [52] 王健, 唐振华, 熊丽琼, 等. 浅析珍稀濒危植物资源的价值与保护利用[J]. 中国农业信息, 2015(13): 17–19.
- [53] Liu Y, Wang S B, Li L Z, et al. The *Cycas* genome and the early evolution of seed plants[J]. Nature Plants, 2022, 8(4): 389–401.
- [54] Zhu S S, Chen J, Zhao J, et al. Genomic insights on the contribution of balancing selection and local adaptation to the long–term survival of a widespread living fossil tree, *Cercidiphyllum japonicum*[J]. New Phytologist, 2020, 228(5): 1674–1689.
- [55] Li M H, Liu K W, Li Z, et al. Genomes of leafy and leafless *Platanthera* orchids illuminate the evolution of myco–heterotrophy[J]. Nature Plants, 2022, 8(4): 373–388.
- [56] Zhang Y X, Zhang G Q, Zhang D Y, et al. Chromosome–scale assembly of the *Dendrobium chryso–toxum* genome enhances the understanding of orchid evolution[J]. Horticulture Research, 2021, 8(1): 183.
- [57] Han X, Zhang J H, Han S, et al. The chromosome–scale genome of *Phoebe bournei* reveals contrasting fates of terpene synthase (TPS)–a and TPS–b subfamilies[J]. Plant Communications, 2022, 3(6): 100410.
- [58] Jiang B, Gao L, Wang H J, et al. Characterization and heterologous reconstitution of *Taxus* biosynthetic enzymes leading to baccatin III[J]. Science, 2024, 383(6683):

- 622–629.
- [59] Niu Z T, Zhu F, Fan Y J, et al. The chromosome-level reference genome assembly for *Dendrobium officinale* and its utility of functional genomics research and molecular breeding study[J]. *Acta Pharmaceutica Sinica B*, 2021, 11(7): 2080–2092.
- [60] Yang T Q, Zhang R G, Tian X L, et al. The chromosome-level genome assembly and genes involved in biosynthesis of nervonic acid of *Malania oleifera*[J]. *Scientific Data*, 2023, 10(1): 298.
- [61] Reel P S, Reel S, Pearson E, et al. Using machine learning approaches for multi-omics data analysis: A review[J]. *Biotechnology Advances*, 2021, 49: 107739.
- [62] 林翊, 方盛国. 基因组文库构建及其在保护遗传学中的应用前景[J]. *兽类学报*, 2005, 25(1): 86–90.
- [63] Reese M G, Moore B, Batchelor C, et al. A standard variation file format for human genome sequences[J]. *Genome Biology*, 2010, 11(8): R88.
- [64] Lyal C H C. Digital sequence information on genetic resources and the convention on biological diversity [M]//Global Transformations in the Use of Biodiversity for Research and Development. Cham: Springer International Publishing, 2022: 589–619.
- [65] 罗茂芳, 杨明, 马克平. 《昆明-蒙特利尔全球生物多样性框架》核心目标与我国的保护行动建议[J]. *广西植物*, 2023, 43(8): 1350–1355.

## A thinking on plant *ex situ* conservation work in the genome era

SUN Weiyue<sup>1,2</sup>, SONG Yigang<sup>2</sup>, MA Yongpeng<sup>3</sup>, LUO Shixiao<sup>4</sup>, QIU Yingxiong<sup>5</sup>, GUO Yalong<sup>6</sup>, TAN Xiangping<sup>4</sup>, LIU Baodong<sup>1</sup>, YAN Yuehong<sup>1,2\*</sup>

1. The Orchid Conservation & Research Center of Shenzhen, Shenzhen 518114, China
2. Eastern China Conservation Centre for Wild Endangered Plant Resources, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, China
3. Yunnan Key Laboratory for Integrative Conservation of Plant Species with Extremely Small Populations, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650201, China
4. South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China
5. Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074, China
6. State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China

**Abstract** With the rapid development of human society and economy, factors such as climate change have prompted the sharp loss of global biodiversity. Plants are a core component of biodiversity, and *ex situ* conservation to save endangered plants has become the core work of botanical gardens. At present, *ex situ* conservation based on protecting the genetic diversity of endangered plants remains a challenge. Genomic technologies have made it possible to accurately identify the taxonomic status of endangered plants, explore the population evolutionary dynamics and endangering causes of endangered plants and analyze genetic diversity at the whole-genome level and its adaptability to future climates. This paper summarizes the development of genomic sequencing technologies for plant conservation and the effectiveness and current status of *ex situ* conservation, as well as the research progress of genomics in helping protect endangered plants in terms of mining functional and adaptive variant genes, species identification, genetic risk assessment, and regulation of growth, development, and secondary metabolism. In response to how to promote future *ex situ* conservation in the genomic era, countermeasures, suggestions, and future development trends are proposed.

**Keywords** biodiversity; the Kunming–Montreal Global Biodiversity Framework; national botanical garden; rare and endangered plants; global climate change ●



(责任编辑 徐丽娇)