

菌物生物多样性与人类可持续发展*

魏江春

(中国科学院微生物研究所真菌地衣系统学重点实验室 北京 100101)

摘要 文章对菌物生物多样性从下列三个角度进行了论述。首先,在自然界生物圈中的生物多样性包括物种、基因和生态系统三个层次;而物种多样性则是最基础和关键的。菌物是自然界物种多样性最丰富的两大类生物之一。其次,菌物分类学是研究菌物物种多样性的重要工具。第三,生物信息、菌种以及菌物原型参证的三个存取系统,作为菌物分类学的研究成果,是人类可持续发展所需要的可再生的生物资源的重要支撑系统。最后,为了加强对菌物物种多样性和基因多样性的研究、保护和开发,作者提出了4点建议。

关键词 物种多样性,分类学,演化系统生物学,存取系统,生物信息学,菌种库,标本馆,生物资源

DOI:10.3969/j.issn.1000-3045.2010.06.010



中国科学院



魏江春院士

1 引言

生物多样性通常被理解为物种多样性、基因多样性和生态系统多样性3个层次。物种是基因的载体;一个物种一个基因库;基因本身在生物个体之外是没有

生存价值的。因此,没有物种便没有基因;没有物种多样性便没有基因多样性;没有物种,就无法进行结构基因组学和功能基因组学的研究、开发和利用。因此,生物多样性实际上是指生存于地球生物圈多种多样生态系统中的,含有多种多样基因的物种多样

性;简言之,在多样性的生态系统中生存着丰富的物种多样性。

由于人类关于生物物种多样性,尤其是微生物以及菌物物种多样性的知识还非常贫乏,大量微生物及菌物物种尚无法从生态系统中分离培养,因而无法对它们的物种进行全面认识、命名、研究、开发和利用,无法对其基因组进行结构与功能的研究、开发和利用。虽然可以借助于分子生物学技术直接从生态系统中获取部分基因片段加以研究、开发和利用,但并不知道这些基因是哪些物种所拥有;从而无法了解这些物种的基因组全貌及其结构与功能。因此,直接从生态系统中获取基因片段的方法并非人类利用生物资源的理想之途,只是在人类关于物种多样性知识非常贫乏时的无奈之举。

不断地认识自然界生物物种多样性,尤其是菌物物种多样性,给它们命名,可为研究它们的结构基因组学和功能基因组学、亲

* 修改稿收到日期:2010年10月8日

缘关系与演化系统,为菌物物种资源和基因资源的开发利用提供综合信息存取系统,即所谓菌物分类学或菌物演化系统生物学,是菌物资源研究与开发中必不可少的上游环节。

以表型与基因型相结合的菌物分类学或菌物演化系统生物学的发展,经历了宏观形态学、微观解剖学、超微形态学与结构学以及部分基因的分子系统学的不同历史阶段。所谓的经典分类学或传统分类学只是菌物分类学发展历程中的不同历史阶段。今后的菌物分类学,或菌物演化系统生物学必将朝着表型组学与基因组学相结合的研究方向发展。

2 菌物物种多样性

所谓菌物(*pan fungi*),是指由真菌学家研究的真核生物域原生动物界(*Protozoa*)中的黏菌(*slime moulds*);菌藻界(*Chromista*)中的假菌(*pseudofungi*)等以及真菌界(*Fungi*)中的全部成员(图1)。

至于微生物(*microorganisms*),顾名思义是指一切体型微小的生物,包括原核生物域细菌界真细菌亚界和古细菌亚界(图1),以及真核生物域中真菌界的微观真菌,甚至无独立生存能力的非细胞大分子病毒等等。无

论是菌物或微生物,从演化系统角度看,各自均非单系类群(*monophyletic group*)(同一祖先的全部后代),而是由部分并系类群(*paraphyletic group*)(同一祖先的部分后代)和部分单系类群以及复系类群(*polyphyletic group*)(不同祖先的后代)组成的混合群。

地球生物圈中自然存在的表型与基因型彼此相似的生物个体的集合构成居群。表基彼此相似的居群构成物种。一个物种便是一个基因库,是生物圈中生物演化的基本单位。

我们以菌物中3大菌类生物之主角真菌为例,对其物种多样性作进一步分析。真菌主要是寄生于维管束植物,据专家的保守估计,全世界有25万种维管束植物,因此,按每种维管束植物寄生有6种真菌估计,真菌至少有150万种^[2]。除了植物寄生真菌以外,植物内生真菌已被大量发现。按每种维管束植物有4种内生真菌估计,全世界就有100万种内生真菌^[3]。按照这一估计,全世界有寄生和内生真菌至少有250万种。如果将腐生真菌、附生在植物茎叶和生长在岩石上的地衣型和非地衣型真菌以及地衣内生菌包括在内,必将远远超过250万种。然而,已被人类所认识和命名的真菌还不到97 861种^[4],仅占估计种数的3.9%;尚有96.1%的

真菌有待人类去发现、认识、命名、描述、研究和开发利用。

按照这一保守估计,作为世界生物多样性最丰富的国家之一,我国已知维管束植物按3万种计,寄生和内生真菌至少有30万种。如果将土壤腐生真菌以及附生在植物茎叶上的附生真菌(*phorophytic fungi*)和生长在岩石上的地衣型和非地衣型真菌以及地衣内生菌估计在内,必将远远



图1 生物六界系统^[1]

超过 30 万种。然而,已被命名的真菌仅 1.3 万种,占估计种数的 0.23%;尚有 99.77% 的真菌物种有待发现、认识、命名、描述、研究和开发利用。

3 菌物物种多样性与资源

世界上第一个抗菌素——青霉素是从真菌中发现的。它的发现和应用揭开了人类利用抗菌素的历史,使人类的平均寿命从 40 岁提高至 60 岁。然而,后来的抗菌素则以放线菌为主要来源。由于放线菌的物种数量有限,作为抗菌素资源正在趋于枯竭;而作为新药资源的真菌却日益显示其明显的上升优势。

以中华医药瑰宝之一的灵芝为例,在古代文献记载中不可能精确到现代的物种概念。所谓灵芝,实际上为灵芝科中 4 个属,即灵芝属、假芝属、网孢芝属和鸡冠孢芝属中的不同种类。它们在外形上虽有一定区别,其孢子特征却差异更加明显(图 2)。因此,我们的任务在于探明灵芝科的 4 个属中的哪一种或哪几种、甚至全部种类均对人类健康有益。

我国已知的冬虫夏草、桑黄、樟芝、云芝、槐耳等 300 多种药用真菌是保障人类健康的宝贵资源。

此外,我们于 2007 年采自海南岛的担子菌地衣 (*Multiclavula sinensis*) 的内生真菌 (*Pestalotiopsis* sp.) 中发现了 23 种次生代谢产物,其中 21 种在结构上是全新的,其中有的还具有抗癌和抗艾滋病毒活性^[9]。

我们还从荒漠地衣石果衣 (*Endocarpon pusillum*) 真菌中发现 100 多种新的基因^[1];目前正在进行功能分析。而且,此类地衣物种在我国干旱荒漠中还起着重要的固沙和固碳作用。类似的荒漠地衣物种多样性广泛地分布于我国干旱和半干旱荒漠地带,是荒漠微型生物群落的优势成分,在缓解沙尘肆虐和全球变暖中具有不可忽视的积极意义;又是抗干旱、抗辐射、抗盐碱、抗重金属基因的资源宝库。

4 菌物物种多样性研究保护及其存取系统

地球生物圈中多样性的生态系统中生存着含有多样性基因多样性生物物种。生

物多样性是人类可持续发展的资源宝库。对于生物多样性的研究、保护和开发利用对于人类可持续发展具有重要的战略意义。

对于菌物物种多样性来说,通过 3 大存取系统,即作为专著物种资源信息存取系统,作为菌种库的物种资源和基因资源存取系统,以及作为标本馆的物种原型

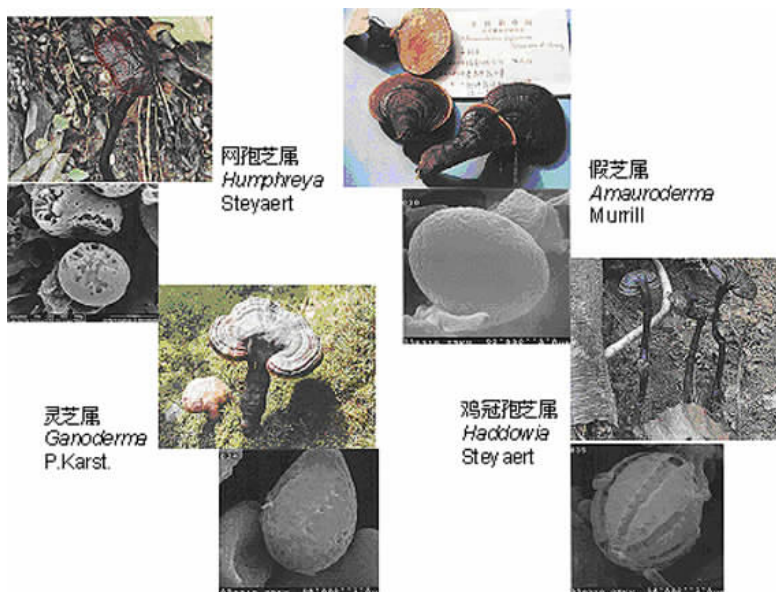


图 2 灵芝科 4 个属的代表种原型特征及其孢子特征^[10]



中国科学院

参证存取系统进行研究、保护、开发和利用,为生命科学研究和人类可持续发展提供支撑系统,在新药发现、可再生能源筛选以及环境治理与人类健康创新方面具有重要意义。

专著等信息存取系统:对自然界多种多样的菌物物种进行采集、分析、研究、分类、命名、描述;按照菌物物种各自的演化关系,以物种为基本单位,将它们排列成不同等级的演化系统,存入菌物种系综合信息存取系统,并向世界公开发表;为生命科学研究和生物资源开发利用提供菌物物种资源信息存取系统,如地区和世界范围的物种分类和演化系统专著(图3)。

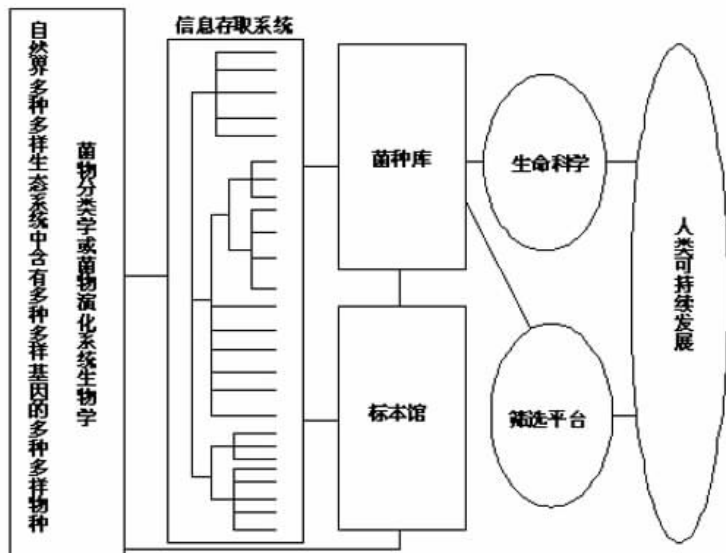


图3 菌物物种多样性研究保护开发及其3大存取系统示意图

菌种库:对于菌物物种多样性的有效保护在于迁地保护,即从自然界多种多样的菌物物种中采集并分离培养出尽可能多的活体菌种。将多样性菌物的活体菌种保藏于作为物种资源和基因资源存取系统的菌种库;为生命科学研究和生物资源开发利用提供菌物物种资源和基因资源的存取系统(图

3)。

标本馆:菌物的活体菌种和生长在自然界多种多样生态系统中的菌物物种原型在表型特征上是截然不同的。自然界多种多样的菌物物种具有极为多样而复杂的外部形态和内部结构。保存于菌种库中的活体菌种则只呈现出肉眼可见的菌落和显微镜下的菌丝和孢子。仅仅根据这些特征,包括由ATGC的不同排列组合构成的基因,根本无法辨认生长在自然界多种多样的菌物物种原型。为了辨认和对接菌种库中的活体菌种和自然界的物种原型,将采自自然界中多种多样的菌物物种原型制作成可供长期保存的菌物标本,保存于国家菌物标本馆,作为

菌物物种原型的证据,为生命科学研究和物种原型提供参考证据的存取系统(图3)。

菌物分类学家或菌物演化系统生物学家,在对地球生物圈多样性生态系统中的菌物物种多样性进行采集、分析、研究、识别、归类、命名、描述等一系列研究的基础上,使其研究结果不断丰富上述3个存取系统,是新世纪生命科学研究和菌物资源研究开发

和利用中不可缺少的上游环节和重要支撑系统。这3个存取系统越丰富,则资源筛选的基数就越大,筛选效率就越高,对生命科学的深入研究的支撑力度就越强。如果能将我国菌物分类学或菌物演化系统生物学及其3个存取系统作为一个整体予以重视并给予强力资助,必将在可再生资源创新与人

类可持续发展中起到重要作用。

5 建议

菌物物种多样性是人类可持续发展中与人类健康与环境保障密切相关的可再生资源宝库。保护生态系统多样性是物种多样性,因而也是基因多样性保护的关键。在此基础上,进行采集、分析、识别、归类、命名、描述等一系列研究;将其研究结果储备于上述三个存取系统,是菌物物种资源和基因资源保护、研究、开发和利用的最佳选择。而菌物分类学,或菌物演化系统生物学是这一最佳选择的基础。然而,近年来,菌物分类学的科技队伍处于后继乏人的危机处境。

“当你失去它时才真正感到它的重要性时”将为时太晚。对于一个正在和平崛起的发展中大国来说,我国在科技发展中的该领域反而倒退至上一世纪 20 年代的水平将是难以想象的。因此,谨提出以下建议:

(1) 鉴于管理生物多样性的国家部级和局级部门不少于 4 个,因而,建议国家在国务院设立生物多样性及生物资源办公室,负责统一规划和协调有关部局的管理工作。

(2) 鉴于菌物物种多样性的独特性和丰富性,建议成立国家菌物生物多样性与基因组学研究所。

(3) 鉴于从事菌物物种多样性及其分类学研究的科技队伍后继无人,建议给他(她)们以稳定的经费支持。

(4) 鉴于对菌物物种多样性的知识十分贫乏,建议组织菌物分类学家有计划、有步骤地进行菌物物种世纪大普查,不断丰富三大存取系统,为国家战略需求提供丰富的菌物物种资源和基因资源储备。菌物分类学及其三大存取系统与新药筛选等国家需求相结合,必将发挥菌物物种资源和基因资源的

巨大潜力,为国家的科技创新做出重要贡献。

通过上述国家战略需求任务的实施,必将不断地培养和锻炼出成批的年轻菌物分类学家等科技人才和创新科技团队。

主要参考文献

- 1 Cavalier-Smith T. Only six kingdoms of life, Proc. R. Soc. Lond. B., 2004,271 (1 545): 1 251-62. doi: 10.1098/rspb.2004.2705, PMID 15306349, PMC 1691724, http://www.cladocera.de/protozoa/cavalier-smith_2004_prs.pdf, retrieved 2010-04-29.
- 2 Hawksworth D L. The fungal demention of biodiversity:magnitude, significance and conservation. Mycol. Res., 1991, 95(6):641-655.
- 3 Petrini O, Sieber T N, Toti L et al. Ecology, Metabolit Production and Substrate Utilization in Endophytic Fungi. Natural Toxins, 1992,1:185-196.
- 4 Strobel G, Daisy B. Bioprospecting for Microbial Endophytes and Their Natural Products. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2003, 67(4): 491-502.
- 5 Kirk P M, Cannon P F, Minter D W et al. Dictionary of the Fungi 10th edition CABI Europe-UK, 2008.
- 6 Ding G, Li Y, Fu S et al. Ambuic Acid and Torreyanic Acid Derivatives from the Endolichenic Fungus *Pestalotiopsis* sp. J. Nat. Prod., 2009, 72 (1):182-186, DOI: 10.1021/np800733y, Publication Date (Web): 31 December 2008. Downloaded from <http://pubs.acs.org> on February 23, 2009(SCI).
- 7 Wang Y Y, Zhou Q M, Wei J C. Construction of a full-length cDNA library from mycobiont of *Endocarpon pusillum* (in press).
- 8 吴兴亮,戴玉成. 中国灵芝图鉴. 北京: 科学出版社, 2005.



中国科学院

The Biodiversity of Pan-fungi and the Sustainable Development of Human Beings

Wei Jiangchun

(Key Laboratory of Systematic Mycology & Lichenology, IM, CAS 100101 Beijing)

Abstract The present paper deals with the biodiversity of pan-fungi from the following three angles: (1)The biodiversity consists of species, genetic and ecosystem diversities in the biosphere of the nature. The species diversity is the most important of the three. The pan-fungi are one of the two large groups of the organisms which have the most rich species diversity in the nature. (2)The pan-fungal taxonomy is the most important tool to study the species diversity of the pan-fungi. (3)The three storage and retrieval systems of bioinformatics, culture collections and herbaria of pan-fungal prototype references, as the results of pan-fungal taxonomy are the most important support system to biological resources as renewable one for the sustainable development of human beings. Finally, to strengthen the study, conservation and development of the pan-fungal species and genetic diversity, four suggestions are given by the author.

Keywords species diversity, taxonomy, evolutionary systematic biology, storage and retrieval systems, bioinformatics, culture collections, herbarium, biological resources

魏江春 中国科学院院士,中科院微生物研究所研究员。1931年11月出生,陕西咸阳人。1955年毕业于西北农学院,1962年毕业于苏联科学院研究生院,先后获生物科学副博士和博士学位。中国地衣学主要奠基者。历任中科院微生物所副所长、学位委员会主任、院属真菌地衣系统学重点实验室主任及学委会主任、微生物资源前期开发国家重点实验室学委会主任、中国菌物学会理事长;现任中国菌物学会名誉理事长、《中国孢子植物志》编委会主编、国际生物多样性中国委员会顾问委员、国家濒危物种科委会委员等。曾论述石耳科新二属系统;发表地衣新属、新科、新目各1个,论文100余篇,专著4册。先后分别获中科院及国家海洋局科技进步奖特等奖。E-mail:weijc2004@126.com