

第 2 章 遗传多样性

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分，是地球上所有生物携带的遗传信息的总和（施立明等 1993）。可以说，一般在谈及生态系统多样性和物种多样性时已经涉及到了遗传多样性，因为物种是构成生物群落进而组成生态系统的基本单元，任何物种都具有其独特的基因库和遗传组成，物种多样性已经包含了基因（遗传）的多样性，故遗传多样性是生态系统多样性和物种多样性的基础（施立明等 1993；葛颂等 1994），换句话说，遗传多样性是生物多样性的内在形式。

2.1 基本概念

目前，遗传多样性这一术语尚无严格定义。McNeely 等（1990）把遗传多样性定义为蕴藏在地球上植物、动物和微生物个体基因中的遗传信息的总和。施立明（1990）则把遗传多样性看成是种内或种间表现在分子、细胞、个体三个水平的遗传变异度。前一定义似乎有些笼统，而后一定义则不甚确切。相比之下，世界资源研究所（WRI）等（1992）在《全球生物多样性策略》这一纲领性文件中的定义更为明确，即“遗传多样性是指种内基因的变化，包括同种显著不同的群体间或同一群体内的遗传变异”。换句话说，遗传多样性主要是指种内不同群体之间或同一群体内不同个体的遗传变异的总和（施立明等 1993）。从这一定义中可以看出，遗传多样性基本上包括了下面几层含义：

首先，遗传多样性是指生物种内的遗传变异。尽管广义的遗传多样性可泛指地球上所有生物携带的遗传信息，包括不同物种的不同基因库所体现出来的物种多样性，但作为生物多样性的一个重要层次，遗传多样性所指的主要还是种内的遗传变异（施立明等 1993；葛颂等 1994；WRI 等 1992）。物种是由个体组成的，除了孤雌生殖、同卵双生子以及无性繁殖以外，生物界没有两个个体具有完全一致的基因型或基因组，这就是遗传变异最基本的特征。从进化的角度看，个体必须组成群体或群体系统（地理宗、生态型、变种、亚种等）才具有进化意义，遗传上有差别的个体在组成群体或群体系统时形成各种各样的群体遗传结构（population genetic structure）（Hamrick 1989），产生新的遗传多样性。Clausen 及其同事们对委陵菜（*Potentilla glandulosa*）的经典研究可以很清楚地说明种内遗传变异的性质。他们对该种进行了长达十多年的形态学、遗传学和生态学研究后，将该种的遗传变异分成几种类型：①局部群体内的变异；②生活在相似气候和土壤条件下隔离群体间的变异；③生长在不同环境条件下、产生独特生态型的群体间的变异；④分类学上亚种间的变异（Clausen 1951）。因此，种内的遗传变异既包括群体内的个体间变异，也包括群体间或群体系统（生态型、变种、亚种）间以及农业上品系、品种间的遗传差异（施立明 1990；葛颂等 1994；Hamrick

1989)。其次，遗传多样性的表现是多层次的，可以表现在外部形态上，如豌豆的花色、果蝇的翅型；表现在生理代谢上，如植物光合作用的强弱、酶活性的高低等；也可表现在染色体、DNA 分子等水平上（Merrell 1981；Stebbins 1950）。此外，遗传多样性是指种内可遗传的变异。因此，那些由于发育或环境引起的变化应排除在遗传多样性范围之外。例如，青蛙等无尾目两栖类动物在幼年时有发达的长尾，而成体则无尾；水毛茛等一些水生植物在水中的沉水叶与水面上的浮水叶具有完全不同的形态；许多高等真菌都有季相的变化等等。这类由发育或环境可塑性引起的差异都是不可遗传的（Grant 1991；Merrell 1981）。

2.2 遗传多样性的起源

遗传是一个保守的过程。没有遗传，不可能保持性状和物种的相对稳定性，变异不可能得到积累，生物也就不可能进化，不可能产生多样性。但是，遗传性又是一个相对的过程，绝非一成不变的，否则，仅凭遗传带来的简单重复，不可能产生新的性状，生物也失去了进化的素材。在 DNA 核苷酸序列中记录的遗传信息作为一种规律忠实地进行复制，故每次复制形成的两个 DNA 分子彼此相同，与其亲本也完全一致。但 DNA 分子在复制过程中偶尔也会发生“错误”，导致子细胞或后代在 DNA 的顺序或数量上不同于母细胞或亲本。遗传多样性的根本来源可以归因于这种偶尔发生的错误，即遗传物质的改变——突变（mutation）（Ayala 等 1984）。正如 Solbrig（1992）所说：突变是“创造”遗传多样性的过程，也是创造生命的过程。突变可以分为两大类，即引起染色体数目和结构的改变（染色体畸变）以及引起基因位点内部核苷酸的改变（基因突变）。后者又称为点突变，也就是传统意义上的突变。由于生物在有性生殖过程中基因型不相同的亲本基因组之间会进行新的组合而在子代基因组中形成新的基因型，故重组（recombination）是产生遗传变异的另一个重要因素（Ayala 等 1984；Grant 1991；Stebbins 1950）。

2.2.1 染色体畸变

由于染色体是遗传物质的载体，是基因的携带者，所以染色体数目和结构的改变会引起遗传信息的改变。

各种生物的染色体数目都是相对恒定的，都含有一套以上的基本的染色体组（genome）。构成染色体组的若干个染色体在形态和功能上各别，但又互相协调，共同控制生物的生长和发育。然而，染色体数目的恒定是相对的，在不同的物种甚至种内都会出现染色体数目的变异，这在植物类群中表现得尤为突出，如在十字花科的草甸碎米荠（*Cardamine pratensis*）种内就已发现了多达 54 种染色体数目（葛颂等 1994）。当以染色体组含有的染色体数目为基准，可将染色体数目变异简单地分为下列两类：①整倍性变异：染色体数目的变化以染色体组为单位而增减，通常将超过两个染色体组的称为多倍体；②非整倍性变异：细胞核内染色体数目不是染色体组的完整倍数，而是在二倍体染色体数目的基础上增减个别几条染色体，包括单体、缺体等不同情况。

染色体结构的改变往往起于染色体或染色单体的断裂。根据这种断裂的数目和位置、断裂端是否连接以及连接的方式，可有各种染色体结构变异类型，主要有下列 4 种：①缺失（deletion）：染色体丢失了片段；②重复（duplication）：染色体增加了片段；③倒位

(inversion): 染色体某一片段作 180° 的颠倒; ④易位 (translocation): 非同源染色体间相互交换染色体片段。

染色体畸变是遗传变异的重要来源, 这已被对大量经典材料的研究所证实, 如对果蝇属 (*Drosophila*) (Ayala 1984)、芍药属 (*Paonia*) (Stebbins 1950) 等的研究。许多物种, 尤其是存在大量杂交、多倍化、单性生殖和营养繁殖的植物类群, 染色体畸变十分常见 (葛颂等 1994)。关于染色体畸变的原因、机理及其遗传效应可参阅有关的教科书和专著 (刘祖洞 1991; Ayala 等 1984; Merrell 1981)。

2.2.2 基因突变

基因突变在生物界很普遍, 如大肠杆菌对链霉素的抗性、黑腹果蝇的白眼性状、小鼠的棕色毛皮、玉米的紫色种子、水稻的矮生型、人类的视网膜瘤和血友病 A 等等 (Ayala 等 1984)。根据突变的分子基础, 可将基因突变分为下列两种方式: ①碱基替换 (base substitution): 一个碱基对被另一碱基对代替; ②移码突变 (frameshift mutation): 一个或几个碱基对的增加或减少。

碱基替换包括一种嘌呤为另一种嘌呤或一种嘧啶为另一种嘧啶所替换 (AT→GC, GC→AT, TA→CG 和 CG→TA) 的转换 (transition) 和嘌呤为嘧啶或嘧啶为嘌呤所取代 (AT→CG, AT→TA 等) 的颠换 (transversion)。结构基因核苷酸顺序的碱基替换对该基因所编码多肽中氨基酸顺序的影响不同, 可以是同义的, 可以是错义的, 也可以是无义的。同义突变改变了密码子中的碱基对, 但仍编码相同的氨基酸, 如三联体 CAU 和 CAC 均编码组氨酸, 当 DNA 中一个碱基对替换, 使 mRNA 密码子由 CAU 变为 CAC 时, 多肽链中的氨基酸顺序不会发生变化。错义突变则是发生碱基对替换后, 使 mRNA 某一密码子改变, 从而编码出不同的氨基酸。无义突变则是 mRNA 上的密码子突变后成为 3 种无义密码子 (UAG, UAA 或 UGA) 之一, 使肽链的延长停止从而产生没有活性的多肽片段。有证据表明, 由碱基替换引起的自发突变不到 20%, 大部分是长度不等的移码突变 (Ayala 等 1984)。

当出现移码突变时, 由于遗传密码是以 3 个核苷酸为一组连续排列的, 故在缺失或插入核苷酸以后的密码都成为错误密码 (除非正好插入或缺失 3 个核苷酸对), 都将转译为不正常的氨基酸, 甚至提前终止。所以, 移码突变常造成蛋白质的氨基酸顺序发生很大变化。

虽然在自然界正常的生物条件和环境中, 每个基因位点上的自发突变率很低, 但由于一个物种拥有许多个体, 每一个体又具有许多基因位点, 故新的基因突变能在自然界不断地出现。例如, 以人有 10 万个基因, 每代每个基因的平均突变率是 10^{-5} 来推算, 每个人将产生父母所没有的突变为 $2 \times 10^5 \times 10^{-5} = 2$ 个。如果每个人平均携带 2 个新突变, 按全世界 50 亿人计, 在目前人类群体中新产生的突变数目就高达 80 亿 (8×10^9)。当以整个物种为单位时, 即使在单个基因位点上, 每代也会发生许多新突变, 如人的每一基因位点上每代能产生 1 万个新突变 (5×10^9 个体 \times 2 基因 / 位点 $\times 10^{-5}$ 突变率 / 基因)。所以, 由突变过程而产生的新的遗传变异的潜力是巨大的。

2.2.3 重组

重组即通过有性过程将群体中不同个体具有的变异进行重新组合, 形成新的变异。在有性生殖的生物中, 由不同合子发育成的个体不可能有相同的基因型, 其根本原因就在于重组。细胞减数分裂时非同源染色体的独立分配和自由组合是一种基本的重组过程。例如, 水稻有

24 条染色体 ($n=12$)，其非同源染色体分离时的可能组合就有 $2^{12}=4096$ 种。此外，同源染色体 DNA 顺序 (基因) 间的交换也是遗传重组的重要部分。例如，以两个基因位点来考虑，某群体中的个体分别在不同位点 (A 和 B) 上各发生一次突变，形成了 AaBB 和 AABb 两类个体，如果这两类个体间发生重组，则能形成 9 种基因型 (AABB, AABb, AAbb, AaBB, AaBb, Aabb, aaBB, aaBb, aabb)，且大多数是新组合出来的基因型。重组产生基因型的数目 (g) 可表示为： $g = (r(r+1) / 2)^n$ 。即重组基因型与组成该基因型独立基因位点的数目 (n) 和每个位点上等位基因的数目 (r) 有关，尤其是每个位点等位基因的数目。引起 DNA 分子间重组的机制可分为下列 3 类 (Ayala 等 1984)：①一般 (general) 重组：发生在同源 DNA 分子之间；②位点专一 (site-specific) 重组：发生在顺序极少同源的 DNA 分子间；③异常 (illegitimate) 重组：发生在顺序非同源的 DNA 分子间。

对异体受精的生物来说，绝大部分的基因型变异是多代以来存在于群体内基因的相互分离和重组的结果 (Stebbins 1950)。例如，当我们将自花授粉植物的单株后代种在一致条件下时，子代是非常一致的。但同样处理异花授粉植物，其后代的变异就大得多。由于重组过程不仅能产生大量的新变异，而且产生变异的速度要比突变更快。所以，天然群体中变异性的直接来源不是突变而是重组 (Grant 1991)。此外，基因流 (gene flow)、杂交 (hybridization)、选择 (selection) 和遗传漂变 (genetic drift) 等会造成群体之间出现各种不同形式的分化和隔离，也是产生种内遗传变异的因素，形成种内不同的遗传变异分布式样，即特定的群体遗传结构 (葛颂等 1994; Grant 1991; Hamrick 1989)。

2.3 遗传多样性的表现层次和检测方法

2.3.1 表现层次

由于遗传信息储存在染色体和细胞器基因组的 DNA 序列中，故严格地说来，遗传多样性都起因于 DNA 分子水平，但这并不意味着遗传多样性只表现在 DNA 分子水平。遗传学中心法则为：

转录 转译

DNA → mRNA → 蛋白质 (酶) → 细胞 (组织) → 器官 (个体)

遗传信息通过转录和转译过程决定了多肽链中的氨基酸顺序。由多肽链构成的蛋白质进一步形成细胞和组织，或在生物体内执行不同的功能，引起一系列错综复杂的代谢变化，最后表现出各种各样的形态特征和生理性状。由于大部分分子水平的变异会通过上述过程影响到转译后的各个层次或水平上，故遗传多样性同样可以在细胞、器官、生理代谢以及形态学水平上表现出来。

形态学水平上的变异是最易观察和引起人们注意的一种表型变异。例如，人类群体在脸部特征、皮肤色素、身体外形、身高、体重等方面都表现出差异。形态学变异也是最早被科学家们进行研究以及被人类加以利用的多样性。例如，亚洲瓢虫 (*Harmonia axyridis*) 鞘翅变异就是很典型的例子。该种出现在西伯利亚、中国、朝鲜和日本，鞘翅几乎全黑的表型在西伯利亚中西部占优势，若往东则黄底黑斑的表型频率逐渐增加，而在远东地区则发现大量的黑底红斑个体。此外对蜗牛、蝴蝶、蝗虫和鸟类等类群的类似研究也很多 (Ayala 等 1984;

Merrell 1981)。动植物分类学上亚种、变种、变型、地理宗、生态型等的确立，在农业上家养动物和农作物品种、品系或类型的划分，基本上是在形态学水平上（Merrell 1981；Stebbins 1950）。尽管直到本世纪初，科学家们才基本认识到了形态学性状变异的遗传基础，但形态学变异能够反映遗传多样性这一点早就为人们所发现和利用。

生物类群在生理、代谢产物、习性甚至本能方面也广泛存在着变异。如同一种鸟所筑的巢很不相同；同是家猫，有的喜欢捕鼯鼠，有的甚至爱捕别的小动物。对人类和家养动物蛋白质主要来源的种子蛋白的研究表明，植物类群中存在着极为丰富的种子蛋白多样性（王洪新等 1996）。此外，许多植物在 CO₂ 交换速率、对光周期的反应、抗寒和抗虫性以及生长速率等方面均存在着种内的遗传差异。如在欧亚广泛分布的用材树种欧洲赤松（*Pinus Sylvestris*）中，其最速生和最慢生的变种之间生长速度相差 4 倍；在瑞典中部栽植时，有些变种 100% 成活，而另一些变种 100% 冻死（Wright 1976）。

由此可见，遗传多样性起源于 DNA 分子水平，但可以表现在遗传信息转录后的各个层次上。

2.3.2 检测方法

人们对遗传多样性的检测最初是从形态学开始的。随着染色体的发现及其结构和功能的澄清，人们又把研究的重点转向染色体上（Merrell 1981；Stebbins 1950）。本世纪 60 年代，酶电泳技术以及特异性组织化学染色法应用于群体遗传和进化研究，使科学家们从分子水平来客观地揭示遗传多样性成为可能，并极大地推动了该领域的发展（Hubby 等 1966；Ayala 等 1984）。进入 80 年代，分子生物学和分子克隆技术的发展带来了一系列更为直接的检测遗传多样性的方法，即直接测定遗传物质本身——DNA 序列的变异（Hillis 等 1990；Avisé 1994）。

从不同水平上检测遗传多样性的各种方法在灵敏度、可行性以及检测目的等方面差别很大，目前检测遗传多样性的常用手段基本上是以形态学性状为主的表型分析和分子水平的检测。

在表型水平上研究遗传变异可大致分成下列几个步骤：选取性状→确定性状变异的遗传基础→遗传变异的度量和分析。性状选取是在表型水平上研究遗传变异性的第一步，因为任何生物体都存在成千上万甚至无数的表型性状，故要对所有的性状都进行深入研究是不可能的。人们研究目的不同，性状选取的标准也不尽相同。如果研究生物适应和进化的机制，就要选取尽可能多的性状，尤其要重视那些具有较大进化意义的性状，如生活史性状（出生、死亡等）。而针对那些具有重要经济价值的动植物类群来说，人们更关心的是与国民经济密切相关的经济性状，如猪的产仔数、牛的产乳量、作物的产量及抗性等等。

研究性状确定之后，接下来的关键是采用科学有效的方法来确定性状变异的遗传基础。由于表型变异受环境和遗传的共同作用，表型和基因型之间存在着基因表达、调控、个体发育等一系列复杂的中间环节，如何根据表型性状上的差异来反映基因型上的不同就成为检测遗传变异的关键。实际上，几乎所有的理论和方法都是针对在表型水平上研究遗传变异这一点展开的。对于表型性状来说，通常可分为受单（主）基因决定的质量性状和受微效多基因控制的数量性状（刘祖洞 1991；Ayala 等 1984）。对这两类不同性状的研究方法各不相同。对质量性状的分析相对较为简单，可采用类似孟德尔豌豆杂交试验的经典方法（刘祖洞 1991）。但在生物群体中，大多数与生物适应和进化有关的性状以及人类所关心的动植物经济

性状多是一些数量性状，对于这些性状必须采用特定的试验方法进行分析，以确定性状变异中遗传所决定的比重，包括简单的移栽试验、人工杂交和子代测定等（葛颂等 1995；Turesson 1922；Clausen 1951），以及较为复杂的田间区组、正交设计以及配合力分析等数据统计和数量遗传学方法（Falconer 1981）。

然而，利用形态学性状研究遗传多样性存在着致命的缺点，就是通过对表型性状的研究，不管是对形态性状还是生理生化特性或对各种代谢产物进行研究，我们所能准确分析的基因位点都太少，因而不能客观地估计遗传变异性。首先，当采用符合孟德尔遗传的质量（单基因）性状为遗传标记时，尽管通过遗传分析可以确定编码这些性状的基因位点，但这类简单遗传的性状在生物类群的众多性状中所占比例很小，反映的基因位点太少。即使能分析一大批此类单基因位点，但由于这种方法所能知道的基因都是可变的（有两个以上的等位基因，否则我们检测不出来），因此仍不能作为整个基因组的代表，从而不能客观地反映遗传变异水平。对能充分反映基因组。受多基因编码的数量性状来说，我们目前也只能大致估算“有效因子”的数目（Falconer 1981），且同样存在着与单基因性状检测类似的问题。正因如此，生物学家们一直都在为寻找检测遗传变异的有效方法而进行着不懈的努力（Ayala 等 1984）。

本世纪中期，分子遗传学和生化技术的迅速发展，为遗传多样性的检测带来了新的希望。Hubby 等（1966）、Johnson 等（1966）和 Harris（1966）几乎同时采用凝胶电泳技术分别对果蝇天然群体和人类群体的遗传多样性进行了定量的估测，使人们第一次在分子水平上证实生物群体中确实存在着大量的遗传变异性。随后的一二十年时间里，来自大量生物类群的酶电泳研究又为遗传多样性的检测积累了十分丰富的资料（葛颂等 1994）。与此同时，分子生物学和分子克隆技术的发展又带来了一系列更为灵敏和有效的遗传多样性检测方法（葛颂等 1994；Avisé 1994），从技术上达到了可以对生物基因组中的任何片段进行分析。因此，分子水平上的遗传标记可以说是无限的。

目前，在分子水平上检测遗传多样性的方法很多，包括等位酶（allozyme）分析、限制性片段长度多态性（RFLP）分析、随机扩增多态 DNA（RAPD）分析和 DNA 序列分析等（葛颂等 1994；Avisé 1994；Gottlieb 1981）。由于生物类群的基因组十分庞大，如人类基因组的单倍体组由大概 3×10^9 个核苷酸对组成，故迄今不管是采用上述何种分子手段，都只能检测基因组中一部分序列的变异。等位酶分析所检测的基因位点都是编码酶蛋白的结构基因位点，RFLP 和 RAPD 分别检测限制性酶切片段位点和随机引物的结合位点，但这些位点可以覆盖整个基因组。序列分析是检测 DNA 序列变异最根本及最准确的方法，但目前在群体遗传和进化生物学的研究中，基本上是针对基因组中某些片段进行的，如生物核基因组中的核糖体 DNA（rDNA）片段、动物线粒体 DNA（mtDNA）和植物叶绿体 DNA（cpDNA）中的特定片段等（Hillis 等 1990；Avisé 1994）。就目前的技术条件而言，除对一些模式生物外，进行 DNA 全序列分析还有困难，尤其在对大量个体（样本）的遗传多样性检测方面，全序列分析在可预见的将来都是不现实的（Avisé 1994）。而用部分片段的序列分析结果进行遗传多样性研究应谨慎，这涉及到这些片段的取样及在基因组中的代表性等问题。

2.4 研究遗传多样性的意义

2.4.1 有助于进一步探讨生物进化的历史和适应潜力

达尔文在《物种起源》第4章中说道：来自一个物种的后代在结构、组成和生境上越是多样化，就越能够占领更广阔更多样的空间，其个体数目也就越多 (Bradshaw 1984)。一个物种的遗传多样性水平高低和其群体遗传结构是长期进化的结果，它还将影响其未来的生存和发展。大熊猫 (*Ailuropoda melanoleuca*) 是国内外瞩目的我国特有珍稀物种，由于其数量稀少、分布区狭窄而相互隔离、食物单调及生殖力低下等原因，正面临灭绝的境地。初步的野外调查以及种群生态学研究表明，大熊猫群体被隔离为 30 多个小群体，每个群体不到 50 头，甚至少于 10 头，因此推测这种相互隔离的小群体将进一步导致遗传漂变、近交等对大熊猫十分不利的后果。有证据表明，有些分布区的大熊猫群体太小，近交率很高，遗传多样性以每代 7.14% 的速度减少 (施立明等 1993)。宿兵等 (1994) 根据 36 种血液同工酶及蛋白质的电泳检测发现，来自 8 个山系及其配种后代的 12 只大熊猫，在检测的 40 个遗传位点上，39 个位点均表现为单态 (只有一个等位基因)，只有一个位点有两个等位基因 (多态)，遗传多样性水平极低，而同样实验条件下的 17 只亚洲黑熊 (*Selenarctos thibetanus*) 却表现出丰富的多态性。因此，他们推测，在晚更新世气候剧变而导致动物大量死亡以至灭绝时期，大熊猫可能仅有少数个体幸免于难，这种瓶颈效应的打击加上随后不可避免的近亲繁殖造成了遗传多样性的贫乏 (宿兵等 1994)。

许多物种独特的群体遗传结构反映了进化历史上的一些特殊事件。例如，松属 (*Pinus*) 是典型的风媒异花授粉的裸子植物，该属中大多数成员都有很高的遗传多样性，而且大部分变异存在于群体之内，群体间差异很小 (Hamrick 等 1990; El-Kassaby 1991)。脂松 (*P. resinosa*) 和陶松 (*P. torreyana*) 则是该属中两个特殊的物种。前者广布于美国中部、东北部和加拿大东南部，酶位点的检测发现，其群体内遗传变异水平极低，而群体间未发现任何差异 (Fowler 等 1977)。许多证据表明，脂松曾有广泛的分布，但在更新世冰川作用的影响下被赶到了美国东南部。在此过程中，该种经历了严重的“瓶颈效应”，尽管现今的分布区仍比较大，但却是由存在于美国东南部遗传上单一的残遗群体重建的，因此遗传多样性极低 (Fowler 等 1977; Mosseler 等 1991)。陶松的进化历史与脂松极为相似，同样是冰川作用导致群体急剧缩小，遗传多样性迅速丧失，导致该种在形态学、等位酶以及 DNA 水平上的多样性都极低 (Ledig 等 1983; Waters 等 1991)，所不同的是该种在冰川退去后未能再扩大其分布区，现存仅有两个相距约 280 公里的群体，个体数不足 1 万株 (Ledig 等 1983; Waters 等 1991)。最近，通过 25 个位点的酶电泳检测 (葛颂等 1996, 1997) 和 21 个引物的 RAPD 分析 (汪小全等 1996)，我们对中国特有的单型属银杉 (*Cathaya argyrophylla*) 进行了遗传多样性的研究，结果发现这一孤立分布在湖南、广西、四川等地的子遗物种具有很低的遗传多样性，但群体间的遗传分化非常大，即使在湖南八面山这一局部地区，相距仅几公里的小群体间就出现了明显的遗传差异 (葛颂等 1996, 1997)，说明这些银杉群体在历史上发生了严重的瓶颈效应，也表明了银杉的古老性和残遗性。

2.4.2 有助于推动保护生物学研究

生物多样性保护的关键之一是保护物种，更具体地说就是保护物种的遗传多样性或进化潜力。种内遗传多样性或变异性愈丰富，物种对环境变化的适应能力愈大，其进化的潜力也就愈大，有助于保护物种和整个生态系统的多样性，或可以减慢由于适应和进化所导致的灭绝过程（施立明 1990）。只有掌握物种多样性水平高低及其群体的遗传结构，才能制定有效的保护策略和措施。否则，任何物种水平上的保护生物学活动都可能成效不大。例如，在实际取样时，对于一个基因流比较小、群体间变异量占 60% 的物种，至少要取样 6 个群体才能保存其 95% 的遗传多样性；而对群体间变异量占 20% 的物种，要达到同样的效果则只需从两个群体取样（Hamrick 等 1990）。显然，对一个遗传变异主要存在于群体之内的物种（如大多数风媒异花授粉的裸子植物）和一个遗传变异主要分布于群体之间的物种（如许多自花授粉的一年生草本植物）应具有完全不同的取样和保护方针。在濒危物种，特别是高度特化的单型种的研究和保护中，我们必须充分重视物种的遗传多样性和群体遗传结构（Falk 等 1991）。例如，现饲养于北美的斯氏瞪羚（*Gazella spekei*）是在由本世纪 60 年代末从非洲引进的一雄三雌 4 个个体的基础上繁殖扩大的，由于制订了一套以遗传管理为指导的繁育计划，从而在最大程度地保持遗传多样性的同时，使其逐步适应近亲繁殖，避免近交衰退，结果斯氏瞪羚无论在数量上还是在体质上均有很大的提高（宿兵等 1994）。

在牲畜和农作物的遗传育种和品种改良中，遗传多样性的研究对资源的开发利用具有重要的指导作用。中国农业科学院畜牧研究所根据对中国 20 个主要黄牛（*Bos taurus*）品种约 6 种血液蛋白位点、26 个等位基因以及 Y 染色体形态的研究，并结合体型、毛色等表型特征得出结论，认为中国黄牛可以分为两大系统、三大类群，即北部的蒙古牛系，中部的南方型牛和西藏高原的小型牛；中原地区的黄牛变异性较高，北方型牛中的延边牛、复洲牛，南方牛中的温岭高峰牛，中原地区的鲁南牛、秦川牛、南阳牛以及西藏黄牛都是重点保护的對象（施立明等 1993）。Ashri（1971）对世界范围采集的红花种质资源进行鉴定，发现来自埃及和伊朗等地区的样品中抗病品系最多。Allard 等（1971）对大麦同工酶多态性的研究证实，来自中南亚的样品遗传变异性最高。农作物遗传多样性研究中的类似的例子还有很多（Brown 1978）。这些群体遗传变异式样的研究对确定什么地区是进一步研究、保护和利用的重点提供了极有价值的资料。

2.4.3 有助于生物资源的保存和利用

自从人类诞生以来，动植物的遗传多样性就被人类有意无意地加以利用，也因此才有当今数以万计的家养动物和栽培植物地方品种和品系。以世界第一粮食作物——水稻为例，仅中国的地方品种就有近万个（施立明等 1993），这是因为我国存在着复杂的地势、土壤和气候条件，加上多民族各种各样的耕作制度，因而产生了众多适应不同地区栽培需要的地方品种（类型）。据初步统计，在我国农业生产中起重要作用的大豆品种达 907 个，小麦品种达 600 多个（施立明等 1993），一些重要的园林花卉植物的品种也十分丰富，如菊花有上千个品种，牡丹有 500 多个品种。我国家畜的地方品种也多达 200 余种（施立明 1990），这些地方品种或品系往往具有各自独特的遗传基础和特性。例如，在猪的 100 多个地方品种中，包括了多产性的太湖猪、金华猪，耐湿热的滇南小耳猪，耐寒冷和粗放饲料的藏猪等等，这些品种都具有十分重要的经济价值（施立明等 1993）。

此外，家养动物和栽培植物的祖型或野生近缘种中存在着十分丰富的遗传多样性。目前在生产实践中普遍存在人工繁殖或栽培群体经济性状衰退，这和其遗传多样性的降低有密切关系（施立明等 1993）。在鱼类的人工繁殖过程中，已发现稀有基因丢失和等位基因频率的改变导致鱼类适应性、生长性能和繁殖能力下降。在农业生产中，过于强调高产品种的推广和外来品种的引进，已导致不少地方品种和类型被丢失，如在我国小麦生产上起重要作用的品种已从 50 年代的 623 个减少到了 80 年代的 472 个，我国优良的九斤黄鸡、定县猪已经灭绝（施立明等 1993）。在许多栽培作物从野生状况被引种驯化为栽培品种的过程中，群体内和群体间的遗传多样性明显下降，对病虫害等不利环境的抗性逐步减弱，如大麦、西红柿等（Brown 1983）。正如许多农学家所指出的，驯化物种遗传多样性的丧失比野生物种的丧失对人类幸福的威胁更大（施立明等 1993）。因此，研究和利用栽培植物和驯养动物野生近缘种所含有的遗传变异，尤其是那些与产量、质量、抗性等性状相关的遗传变异是这些动植物遗传改良成功的关键。例如，美国曾在 50 年代发现栽培大豆中出现一种使大豆正常生长受阻、植株矮缩、叶片黄化、荚子料少、严重时使根系腐烂以致全株死亡的大豆孢囊线虫病（*Heterodera glycines*），使美国的大豆产量大幅度下降。后来美国利用从中国引进的野生小黑豆作为亲本进行杂交育种，培育出了一批抗病的品种，挽救了美国的大豆生产，使美国成为最大的大豆出口国。又如，在对我国野生稻的研究中发现，在一些病虫害严重的栽培稻稻田附近，存在着不受病虫害侵袭的野生稻群体；一些不同来源地的野生稻类型或同一栖息地不同类型的普通野生稻对瘟病和白叶枯病的抗性有比较大的差异（施立明等 1993）。这些多样性为选择抗病育种的抗原材料提供了机会和可能性。

目前遗传多样性的检测已经从检测染色体、研究形态性状的变异、酶电泳揭示分子水平的多样性，发展到 DNA 序列测定。研究遗传多样性，将能探明生物进化的历史，将有助于资源开发、物质保护及种资源保护。