

综述 Reviews

国内外转基因农作物研发进展

彭永刚, 张磊, 朱祯*

中国科学院遗传与发育生物学研究所植物基因组学国家重点实验室, 国家植物基因研究中心(北京), 北京100101

摘要: 发展转基因技术可以更好地应对我国农业上面临的耕地减少、水资源缺乏等诸多问题, 然而转基因技术却引起了广泛的争议。本文综述了国内外转基因农作物的研发进展, 以及我国转基因产业化等问题, 阐述了应用先进技术对我国农业可持续发展以及确保粮食安全的重要作用。同时, 本文概括了我国在基因组学研究和基因挖掘上取得的重要进展, 以及我国转基因产业化已经具备的发展条件。本文还对未来我国种业尤其是生物技术种业的发展做出展望。

关键词: 转基因作物; 转基因技术; 产业化

A Review on Research and Development of Transgenic Crops

PENG Yong-Gang, ZHANG Lei, ZHU Zhen*

State Key Laboratory of Plant Genomics, National Plant Gene Research Center (Beijing), Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract: Development of transgenic technology helps to deal with China's agricultural challenges such as the reduction of arable land, and water scarcity etc. However, bio-safety involved in transgenic technology has aroused widespread controversy. This paper reviewed the progress in research and development of transgenic crops, and commercialization of transgenic crops both in China and abroad. Meanwhile, the paper briefly summarized the research progress that has been made in genome sequencing and functional genomics in China, and discussed future prospects of seed industry, especially biotechnology seed industry in China.

Key words: transgenic crop; transgenic technology; commercialization

1 我国农业的主要问题及解决途径

目前, 我国农业面临着三方面的重大挑战。首先耕地锐减, 人均耕地面积不足世界平均水平的40%。其次, 水资源匮乏, 人均水资源占有率只有世界平均水平的25%左右。再次, 病虫害、旱涝等自然灾害频发, 环境恶化。

发展转基因技术可以有效地缓解或解决这些问题。第一, 转基因农作物品种能够显著提高农作物产量, 改善农产品的品质, 确保我国的粮食安全。第二, 进行抗性的转基因育种还可以降低农药、化肥的施用量, 确保我国农业的生态安全。第三, 通过开发功能性和治疗性的食品, 可以提高农产品的附加值, 增加农民的收入。第四, 通过对转基因技术的研究、创新, 可以建立我国自己的生物技术研发体系, 提高我国在这方面的国际竞争力。

2 转基因农作物国际研发进展

国际上对转基因农作物的研究已有30年历

史。1983年, 第一例转外源基因植物(烟草)获得成功(Zambryski等1983); 1987年, 第一例转基因植物(转基因抗虫番茄)田间试验在美国进行; 1994年, 转基因番茄上市; 1996年, 全球转基因作物种植面积已达160万公顷; 到了2012年, 种植面积达1亿7千万公顷, 约30个国家正式批准种植转基因农作物, 从1996年到2012年, 累计种植面积达15亿公顷(International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications, <http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/default.asp>)。

目前, 美国是种植转基因作物面积最大的国家, 面积达6 950万公顷, 其后依次为巴西、阿根廷、加拿大、印度和中国。2012年我国转基因作

收稿 2013-04-23 修定 2013-05-20
资助 转基因生物新品种培育重大专项(2011ZX08001-001和2013ZX08012-002)。

* 通讯作者(E-mail: zzhu@genetics.ac.cn; Tel: 010-64806616)。

物种植面积为4百万公顷,而且近十年来,种植面积增长趋缓,而印度、美国、阿根廷等国家均在稳步上升。2012年全球转基因作物种植面积最大的是大豆,有八千多万公顷,主要是抗除草剂转基因大豆,其次是转基因玉米,再次是转基因棉花和油菜。2012年全球大豆的播种面积的81%、棉花播种面积的81%、玉米播种面积的35%和油菜播种面积的30%都种植着转基因的品种(International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications, <http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/default.asp>)。近期将要陆续推广的一些转基因品种包括转基因抗旱玉米、转基因氮高效利用玉米,以及富含 β -胡萝卜素的金水稻。

转基因作物带来了巨大的经济效益和社会效益,大幅度提高了农业生产力。在1996到2011年期间,作物产量增加估计达到982亿美元;同时,少用杀虫剂4.73亿千克;在2011年减少231亿千克二氧化碳的排放,有非常好的环境效益(International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications, <http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/default.asp>)。

转基因农作物的广泛应用促进了农业生物技术的形成,彻底改变了种业的产业结构,大规模的并购与重组已于上世纪末本世纪初完成,种业已由原先的单一的种子经营过度到了育繁推一体化的经营模式。新技术的应用使种业的产业凝聚度大幅度提升,世界上最大的三家种业公司在全球种子市场上占有份额已从1996年8%左右提高到2010年的35%。种业的国际化趋势日趋明显,跨国公司加速了全球种子市场的瓜分。

3 我国转基因农作物发展现状

我国转基因农作物的研发总体上可以分为两个时期。第一个时期,从1986年到2000年,目标是追踪世界科技前沿,有所为有所不为,研究内容主要是基因克隆、植物转化和转基因农作物的大田试验。第二个时期,从2001年至今,我国开展了自主创新研发,主要的研究内容是转基因农作物的商业化生产,以及基因组测序和通过组学的手段进行基因克隆的研究。经过这两个时期的发展和积淀,未来我国将要进行源头的、根本性的创新。

我国批准商业化生产的首批转基因品种包括:

抗病毒番茄、耐储存番茄、抗病毒甜椒、改变花色的矮牵牛以及抗虫棉。其中抗虫棉在商业化用途上成效显著。2008年我国转基因抗虫棉种植面积已占全国总植棉面积的72%。我国自行研制的转基因抗虫棉占抗虫棉推广面积的百分比也由1999年的7%增长到2008年的93%。1999年到2008年,我国累计推广转基因抗虫棉2.2亿亩,受益农户超过3 000万户,减少农药80%以上,减少的农药使用量约为4.5万吨。平均每亩增收节支220元,累计为国家和棉农增收节支大约400亿元人民币(郭三堆研究员提供),这些收益远远超过了国家对农业生物技术研究的总投入。

另外,我国在转基因抗虫水稻研制方面处于世界领先水平,目前已经通过了安全审批,等待产业化。另一个重要的转基因农作物——转植酸酶玉米,也已经通过了我国转基因安全审批。抗鳞翅目害虫的转基因杨树和转基因抗病毒的番木瓜也已获批进行商业化应用。

此外,我国自行研制的生产人血清蛋白和品质改良的转基因稻米、抗虫或抗旱的转基因玉米、抗黄花叶病毒或抗旱的小麦、品质改良的转基因棉花、抗除草剂的转基因大豆等优良转基因作物已完成了产业化前期的工作。

4 我国农作物重要基因的发现与克隆

转基因农作物的核心知识产权是基因专利。如果转基因没有基因的自主知识产权,转基因产业就无法很好的发展。我国在新的农作物重要功能基因的发掘与克隆方面取得了重要进展。已经克隆的基因有决定水稻高产性状的理想株型基因 *IPAI* (Jiao等2010), 决定水稻籽粒长宽比例的 *gl-7(t)* 基因, 决定稻穗夹角角度的 *EP2* 基因(Zhu等2010), 水稻穗形态相关的 *DEP1* 基因(Huang等2009b), 耐旱相关的 *OsKIPa* 基因(Hou等2009), 与株高、产量、穗粒数相关的 *Ghd7* 基因(Xue等2008), 与穗发育(Wu等2008)、广亲和性相关基因(Chen等2008; Long等2008)等, 以及抗稻飞虱的 *Bph14* 基因(Yang等2004), 抗水稻重要病害水稻细菌白叶枯病的 *Xa26* 基因(Sun等2004)。

5 我国的作物基因组学研究

近些年我国在作物基因组学研究也取得了重大进展。首先,我国参与了国际水稻基因组计划,

完成了粳稻‘日本晴’四号染色体的精确测序和功能解析工作(Feng等2002); 同期我国独立完成了籼稻‘93-11’的基因组草图(Yu等2002)和完成图(Yu等2005), 标志着我国农业基因组学已经进入了世界基因组学研究的前列。2002年以后, 中国的科学家独立或者通过国际合作完成了其他许多重要作物的基因组测序, 包括马铃薯(Potato Genome Sequencing Consortium等2011)、大豆(Lam等2010)、黄瓜(Huang等2009a)、杨树(Tuskan等2006)和番茄(Tomato Genome Consortium 2012), 以及近期完成的小麦D基因组(Jia等2013)和A基因组(Ling等2013)的测序工作; 同时, 包括其他一些生物像鹅、朱鹮、血吸虫(Young等2012)、鲤鱼、仓鼠(Xu等2011)等(科学网, <http://www.sciencenet.cn/>)。

基因组研究的核心竞争力是生物信息学, 这不仅需要大量的测序工作, 还需要高性能计算机和高效率算法。在这方面我国已经具备了上述基因组研究的核心竞争力, 深圳华大基因研发中心现在已经成为世界最大的基因组测序中心。引领本世纪世界未来发展的两大技术是生物技术和信息技术。《第三次浪潮》的作者托夫勒曾指出, 在新的机遇面前, 发展中国家和发达国家在同一起跑线上。在高新技术领域世界格局将重新洗牌, 只要抓住机遇我国完全可以赶超世界领先水平。

6 我国转基因产业化展望

从克隆基因到获得转基因植物, 最后育成可用于生产的农作物新品种是一个复杂的过程。目前我国在DNA测序、组学研究、以及转基因技术和分子育种各个环节上均取得了重要进展。问题在于如何将这技术环节形成完整的技术链条和产业化链条, 并最终实现转基因作物的产业化。

抗虫棉是应用成功的一个例子。我国批准商业化的抗虫棉是分别由我国和美国孟山都公司自行研制的。在1997年我国自行研制的抗虫棉仅占抗虫棉推广面积的一小部分, 孟山都的占绝大部分。但到了2008年, 我国的品种已占主导地位, 全面超过了国外产品。其中重要原因是我国结合使用了三系杂交棉技术和抗虫棉技术, 产量增加了20%以上, 棉花纤维质量明显提高, 种子成本也明显降低, 因此具有了国际竞争力。从这个例子可看出, 在对待国际竞争时, 我们一定要正面积积极应

对。只有发展我国自己的转基因产业才是正确的应对措施, 通过引进、消化、模仿、吸收、自主研发和进一步创新以增强我国的科技竞争力。担心国外的竞争而拒绝采用新技术最终将会导致我国种业彻底“崩盘”, 那将是任何人都不愿见到的结果。

另一个例子是我国的大豆种植业。1995年国际上大规模培育和应用转基因作物的前夕, 我国年生产大豆1 600万吨, 美国年生产量为6 000多万吨。2012年美国年生产量提高到8 000多万吨, 而我国则降到1 260万吨, 在此期间, 另外两个主要大豆生产国阿根廷和巴西的产量增加了2~3倍(美国农业部, <http://www.pecad.fas.usda.gov/cropexplorer/>)。以上3个主要大豆生产国均大规模采用了转基因大豆, 不但增加了产量, 同时还降低了生产成本, 从而更具国际竞争力。1996年以前, 我国是纯大豆出口国, 而现在最高的时候需进口大豆5 838万吨, 是我国大豆产量的4倍(海关总署, <http://www.customs.gov.cn/publish/portal0/>)。国外廉价大豆价格冲击了我国大豆市场, 并导致我国榨油产业70%~80%的榨力被外国公司所控制。

未来, 企业将是转基因农作物育种研发、投资和应用推广的主体。我国连续两年中央一号文件都提到了种业问题, 而且特别地强调转基因和生物技术育种; 同时, 2011年国务院的八号文件也明确了关于种业发展的意见, 这些重大决策将有效地推动我国种业的发展。尽管我国农业生物技术和种业面临着挑战, 但同样也存在着重大机遇, 我们坚信, 未来我国生物种业将有一个巨大的发展。

参考文献

- Chen J, Ding J, Ouyang Y, Du H, Yang J, Cheng K, Zhao J, Qiu S, Zhang X, Yao J et al (2008). A triallelic system of S5 is a major regulator of the reproductive barrier and compatibility of indica-japonica hybrids in rice. *Proc Natl Acad Sci USA*, 105 (32): 11436~11441
- Feng Q, Zhang Y, Hao P, Wang S, Fu G, Huang Y, Li Y, Zhu J, Liu Y, Hu X et al (2002). Sequence and analysis of rice chromosome 4. *Nature*, 420 (6913): 316~320
- Hou X, Xie K, Yao J, Qi Z, Xiong L (2009). A homolog of human ski-interacting protein in rice positively regulates cell viability and stress tolerance. *Proc Natl Acad Sci USA*, 106 (15): 6410~6415
- Huang S, Li R, Zhang Z, Li L, Gu X, Fan W, Lucas W J, Wang X, Xie B, Ni P et al (2009a). The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nat Genet*, 41 (12): 1275~1281

- Huang X, Qian Q, Liu Z, Sun H, He S, Luo D, Xia G, Chu C, Li J, Fu X (2009b). Natural variation at the DEP1 locus enhances grain yield in rice. *Nat Genet*, 41 (4): 494-497
- Jia J, Zhao S, Kong X, Li Y, Zhao G, He W, Appels R, Pfeifer M, Tao Y, Zhang X et al (2013). *Aegilops tauschii* draft genome sequence reveals a gene repertoire for wheat adaptation. *Nature*, 496 (7443): 91-95
- Jiao Y, Wang Y, Xue D, Wang J, Yan M, Liu G, Dong G, Zeng D, Lu Z, Zhu X et al (2010). Regulation of OsSPL14 by OsmiR156 defines ideal plant architecture in rice. *Nat Genet*, 42 (6): 541-544
- Lam HM, Xu X, Liu X, Chen W, Yang G, Wong FL, Li MW, He W, Qin N, Wang B et al (2010). Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection. *Nat Genet*, 42 (12): 1053-1059
- Ling HQ, Zhao S, Liu D, Wang J, Sun H, Zhang C, Fan H, Li D, Dong L, Tao Y et al (2013). Draft genome of the wheat A-genome progenitor *Triticum urartu*. *Nature*, 496 (7443): 87-90
- Long Y, Zhao L, Niu B, Su J, Wu H, Chen Y, Zhang Q, Guo J, Zhuang C, Mei M et al (2008). Hybrid male sterility in rice controlled by interaction between divergent alleles of two adjacent genes. *Proc Natl Acad Sci USA*, 105 (48): 18871-18876
- Potato Genome Sequencing Consortium, Xu X, Pan S, Cheng S, Zhang B, Mu D, Ni P, Zhang G, Yang S, Li R et al (2011). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*, 475 (7355): 189-195
- Sun X, Cao Y, Yang Z, Xu C, Li X, Wang S, Zhang Q (2004). Xa26, a gene conferring resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in rice, encodes an LRR receptor kinase-like protein. *Plant J*, 37 (4): 517-527
- Tomato Genome Consortium (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*, 485 (7400): 635-641
- Tuskan GA, Difazio S, Jansson S, Bohlmann J, Grigoriev I, Hellsten U, Putnam N, Ralph S, Rombauts S, Salamov A et al (2006). The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). *Science*, 313 (5793): 1596-1604
- Wu C, You C, Li C, Long T, Chen G, Byrne ME, Zhang Q (2008). RID1, encoding a Cys2/His2-type zinc finger transcription factor, acts as a master switch from vegetative to floral development in rice. *Proc Natl Acad Sci USA*, 105 (35): 12915-12920
- Xu X, Nagarajan H, Lewis NE, Pan S, Cai Z, Liu X, Chen W, Xie M, Wang W, Hammond S et al (2011). The genomic sequence of the Chinese hamster ovary (CHO)-K1 cell line. *Nat Biotechnol*, 29 (8): 735-741
- Xue W, Xing Y, Weng X, Zhao Y, Tang W, Wang L, Zhou H, Yu S, Xu C, Li X et al (2008). Natural variation in Ghd7 is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nat Genet*, 40 (6): 761-767
- Yang H, You A, Yang Z, Zhang F, He R, Zhu L, He G (2004). High-resolution genetic mapping at the Bph15 locus for brown planthopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 110 (1): 182-191
- Young ND, Jex AR, Li B, Liu S, Yang L, Xiong Z, Li Y, Cantacessi C, Hall RS, Xu X et al (2012). Whole-genome sequence of *Schistosoma haematobium*. *Nat Genet*, 44 (2): 221-225
- Yu J, Hu S, Wang J, Wong GK, Li S, Liu B, Deng Y, Dai L, Zhou Y, Zhang X et al (2002). A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science*, 296 (5565): 79-92
- Yu J, Wang J, Lin W, Li S, Li H, Zhou J, Ni P, Dong W, Hu S, Zeng C et al (2005). The genomes of *Oryza sativa*: a history of duplications. *PLoS Biol*, 3 (2): e38
- Zambryski P, Joos H, Genetello C, Leemans J, Van Montagu M, Schell J (1983). Ti plasmid vector for the introduction of DNA into plant cells without alteration of their normal regeneration capacity. *EMBO J*, 2 (12): 2143
- Zhu K, Tang D, Yan C, Chi Z, Yu H, Chen J, Liang J, Gu M, Cheng Z (2010). *Erect panicle2* encodes a novel protein that regulates panicle erectness in indica rice. *Genetics*, 184 (2): 343-350