

许玲,吴魁,魏伶俐,等. 基于分子生物学技术的作物种质资源创新研究现状及发展策略[J]. 江苏农业科学,2017,45(23):11-14.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.23.003

# 基于分子生物学技术的作物种质资源 创新研究现状及发展策略

许玲,吴魁,魏伶俐,陈虞雯

(江苏省农业科学院种质资源与生物技术研究所,江苏南京 210014)

**摘要:**作物种质资源不仅是作物育种原始创新及现代种业发展的物质基础和源头,更是保障粮食安全、建设生态文明并实现农业可持续发展的战略性资源。谁掌握了资源,谁就掌握了主动权。通过对我国种质资源的创新手段、研究现状、存在问题的梳理,提出了种质资源创新的政策建议,以期为作物种质资源管理者和研究人员提供参考。

**关键词:**分子生物学;种质资源;创新;发展对策

**中图分类号:** S326 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2017)23-0011-03

作物种质资源不仅是作物遗传改良及现代种业发展的物质基础,更是保障粮食安全及实现农业可持续发展的战略性资源。拥有作物种质资源的数量和质量,直接影响到种质资源创新利用效率和现代种业的可持续发展。谁掌握了资源,谁就掌握了主动权。因此,种质资源保护和创新利用已成为世界各国农业科技创新驱动战略的重要组成部分。

现代分子生物学技术作为新兴的种质资源创新手段,较快地推动了新材料的创制,加快了分子育种的进程,必将对作物种质资源创新与利用产生革命性的影响。如何充分利用现有的分子生物学技术,对种质资源的结构多样性和功能多样性开展深入研究,创造符合市场和生产需要的新材料,为育种工作者提供更多的选择,将是作物种质资源创新利用的重要方向。本文通过对我国作物种质资源的创新手段、研究现状、存在问题的梳理,提出了种质资源创新的政策建议,以期为作物种质资源的管理者和研究人员提供参考。

## 1 创新种质的主要分子生物学技术

### 1.1 DNA 分子标记技术

DNA 分子标记是以生物个体或种群间基因组中核苷酸序列变异为基础的遗传标记,揭示来自 DNA 的遗传变异,反映 DNA 水平上的遗传多样性。DNA 分子标记通过电泳分离不同的生物 DNA 分子,然后与经标记的特异 DNA 探针杂交,以电泳谱带的形式来揭示 DNA 的多态性,是生物分类学、育种学、遗传学和物种起源与进化等研究的重要技术指标之一。随着分子生物学技术的发展,各种 DNA 分子标记技术已广泛应用于作物种质资源鉴定、创新和利用研究。依据对 DNA 多态性的检测手段,DNA 标记可分为:第一类是以 RFLP 为代表

的基于 DNA-DNA 杂交的 DNA 标记;第二类为基于 PCR 的 DNA 分子标记,主要包括 RAPD、ISSR、SSR 和 STS 等标记;第三类为基于 PCR 与限制性酶切技术结合的 DNA 标记,主要包括 AFLP 和 CAPS 等标记;第四类是以 SNPs 为代表的基于单核苷酸多态性的第三代 DNA 分子标记。此外,新型分子标记不断涌现,如 RGAs、RMAPD、SRAP、TRAP 等标记。

### 1.2 转基因技术

所谓转基因技术就是将目的基因整合到受体基因组中,使之产生目标变异而获取目标性状。转基因技术可以突破生殖隔离,利用其他物种的有利基因来使重组生物增加人们所期望的新性状,实现作物种质资源创新。随着转基因技术的发展,抗病、抗虫等具有优良性状的转基因资源不断创新,转基因棉花、玉米、大豆、油菜、小麦等已在全世界范围内广泛种植<sup>[1]</sup>,其中商业化最为成功的例子当属抗除草剂大豆和抗虫棉花的大面积推广应用。

### 1.3 分子设计育种技术

分子设计育种即育种家可以根据需要设计出理想基因型的品种<sup>[2]</sup>。与传统育种技术相比,分子设计育种具有更为精确、更加高效率的特点,在作物种质资源创新的过程中使用分子设计育种技术,能够实现从“经验育种”到“精确育种”的转化,具有新基因挖掘、定向引入或改良目标性状、创制新种质材料、改造亲本材料、缩短育种年限、提高选择准确度、提高杂种优势利用率等方面的优越性,相关的工作人员可以根据农作物的特性进行分子设计,从而研发出更适合种植的新型农作物。通过分子设计育种的发展,可以改变农作物的基因,增加优良基因,从而缩短农作物的生长周期。这种育种方法有效改良了农作物的基因,从而大大提高了种质创新效率。

## 2 作物种质资源创新研究的现状

作物种质资源是作物新品种选育和生物学研究的重要物质基础。江苏省拥有十分丰富的作物种质资源,江苏省农业科学院(种质资源与生物技术研究所)建设有国家农作物种质资源平台江苏子平台和江苏省农业种质资源保护与利用平台,目前保存了包括大田作物、杂粮作物、蔬菜作物等多个物

收稿日期:2017-08-12

基金项目:江苏省农业科学院基本科研业务专项软科学项目[编号:ZX(17)4017]。

作者简介:许玲(1983—),女,安徽安庆人,硕士,助理研究员,主要从事农业科技管理。E-mail:xuling@jaas.ac.cn。

通信作者:吴魁,副研究员,主要从事农业科技管理。Tel:(025)84390301;E-mail:wk@jaas.ac.cn。

种共计 10 万余份作物种质资源,已建立 1 座江苏省农业种质资源中期库和 73 个专业作物种质资源库(圃),形成了比较完善的作物种质资源收集与保存体系,为种质资源的创新利用奠定了坚实的物质基础,促进了作物育种和现代种业的可持续发展。

近年来,随着生物技术的快速发展,我国科学家利用细胞工程、基因工程、分子标记辅助选择等现代生物技术在水稻、小麦、玉米、谷子、棉花等种质资源创新工作方面取得了显著的进展。基于现代生物技术在水稻种质资源研究的应用,我国科学家于 2012 年研制出全球首张水稻全基因组 RICE6K 育种芯片<sup>[3]</sup>并申请国家专利保护,随后又进一步研制出 SNP 标记分布密度更高、基因型检测更精准的 RICE6K 育种芯片,并申请国际 PCT,水稻育种芯片的成功研制和利用可大幅提高种质资源鉴定的准确性,有助提高育种效率,杜绝假种子危害,为准确鉴定筛选符合育种目标的基因型和种质资源鉴定提供了精准的技术平台;2013 年,我国科学家在《Nature》上在线发表普通小麦 A 基因组和 D 基因组序列草图绘制相关研究成果<sup>[4]</sup>,这两大进展对小麦种质资源、小麦育种、小麦功能基因组、小麦进化及比较基因组等研究产生了巨大的推动作用,对推动栽培小麦的遗传改良具有重要理论意义和实用价值;另外,我国科学家通过对国内外 900 多份谷子种质资源进行全基因组低倍重测序和序列分析,在国际上率先完成了谷子单倍体图谱的构建和 47 个主要农艺性状的全基因组关联分析,绘制出谷子基因组单倍型物理图谱,相关成果于 2013 年 6 月 24 日发表于《Nature Genetics》上<sup>[5]</sup>,标志着我国在谷子种质资源研究方面取得了重要突破,将对未来禾谷类作物的品种改良、能源作物的遗传解析产生深远影响。

随着分子生物学的发展,作物种质资源创新研究逐渐发展为以分子标记选择为主,从而代替了过去的以表型选择为主。利用基因组学方法,科学家们从野生稻中挖掘了大量可用于水稻遗传改良的有利基因,如来源于野生稻并控制水稻从匍匐生长向直立生长转化的基因 *PROG1*<sup>[6]</sup>,对水稻种质资源鉴定创新研究起了重要的推动作用。小麦野生近缘物种和地方栽培品种蕴含大量有利等位变异基因,是小麦种质资源遗传多样的主要基因源,例如影响淀粉合成的蔗糖合成酶基因 *TaSu1* 和 *TaSu2*<sup>[7]</sup>,其等位变异主要存在于地方栽培品种中,但经过育种过程的强烈选择后对提高小麦千粒质量起到了重要作用。在玉米种植创新上,科学家利用远缘杂交方法和外源等位基因改良玉米,从而提高玉米的耐逆性。如将大刍草导入玉米自交系 330,从而育成茎秆强度高、抗倒伏的遗单 6 号单交种。另外,在大豆中,利用野生大豆种质 N24852 为供体,以栽培大豆优良品种 NN1138-2 为受体,鉴定和利用野生大豆种质的优异基因资源,从而成功构建了染色体片段置换系<sup>[8]</sup>。

### 3 存在的问题与不足

我国作物种质资源数量多、覆盖面广,在全基因组水平的基因型鉴定以及种质资源表型精准鉴定方面,科学家们已开展相关研究工作,但涉及的作物种质资源的种类和数量极为有限,对种质资源的系统研究和深入研究不够,很难为育种家和基础理论研究者提供针对性的资源。目前,我国作物种质创新在很大程度上还停留在现代品种的进一步改良上,还需充分应用分子生物学相关理论和方法(包括分子标记、全基

因组选择、基因组编辑等),重点突破野生近缘种和地方品种的创新利用瓶颈,不断拓展现代作物育种的遗传基础<sup>[12]</sup>。现阶段种质资源研究工作主要存在以下几方面的问题:

首先,作物种质资源创新研究无法快速实现其商业价值。由于农作物种质资源研究工作属于公益性事业,在立项科研项目目标设置和成果考核机制方面不够完善,致使在育种研究中很难直接应用当前公益性科研单位的研究成果,从而导致作物种质资源创新的公益性研究成果商业化应用价值较低。

其次,作物种质资源创新研究缺乏突破性进展。作物种质资源创新是作物遗传育种的基础和保证,是一项周期长、见效慢且需要众多基础理论与技术支撑的系统工程。目前尽管在种质资源创新与基因型鉴定方面也开展了部分工作,但对作物种质资源的深入研究不够,种质资源评价鉴定数据空项较多,不能满足作物种质资源利用者的需求。一方面由于作物表现型和基因型评价严重滞后以及对“亲本骨干”中的“骨干基因”缺乏系统、深入研究等多种原因,很难创造出将优质、高产、多抗等优异目标性状融合为一体的突破性新种质。另一方面,高效种质创新技术缺乏也限制了种质创新效率的提高。

再次,种子企业在作物种质资源有关工作中参与度较低。作物种质资源是育种的基础材料,而作物育种技术作为种业发展中的基础动力,对种业发展乃至粮食安全起到至关重要的作用<sup>[9]</sup>。我国种子企业在作物种质资源收集保护及创新改良利用等方面进行系统性研究起步较晚,尤其在作物种质资源引进和利用方面,相对于国际种业巨头存在很大差距。国际三大种业巨头(孟山都、杜邦、先正达)市场占有率分别为 23%、15%、9%,前十名控制市场份额 67%<sup>[10]</sup>;2006 年,我国前十名销售总额 48 亿元,仅为孟山都一家的 22%,抛开资金和营销方面因素,从技术层面分析,差距产生的主要原因有:一是生物技术在种质资源创新应用的差距,二是农业生物技术方面专利拥有量的差距<sup>[11]</sup>。

### 4 加强作物种质资源创新的对策建议

我国作物种质资源保存中期库、长期库和种质圃中目前保存了约 45 万份种质资源(约 2 300 个物种),另外还建立了原生境保护点 163 个。随着多个重要农作物和一些模式植物全基因组测序的完成和高通量重测序技术的普及,为作物种质资源研究提供了跨越式发展的机遇<sup>[12]</sup>。目前,如何充分应用现代分子生物学理论、技术和方法,与作物种质资源研究的各个环节有机结合起来,对种质资源库中保存的种质资源和野生近缘种居群进行系统的鉴定、评价和创新,提高种质资源保护的安全性和利用的高效性,已成为中国作物种质资源研究者的重点任务。

#### 4.1 提高对作物种质资源研究基础性、长期性、公益性地位的认识

国家在作物种质资源公益性研究方面应加大经费投入支持力度,鼓励长期开展作物种质资源收集、保存、保护、鉴定评价和重要功能基因发掘。一方面需要针对育种者所需求的重要农艺性状,开展种质资源控制环境或多年多点条件下的表型鉴定评价,同时需要充分利用关联分析和连锁分析等手段,在强化重要性状表型精准鉴定的基础上,发掘能满足未来育种需求的优异种质资源和基因,使库存种质资源能得到高效

利用。另一方面,可充分利用高通量测序技术和 SNP 芯片技术,在全基因组学水平对作物种质资源进行系统的基因型鉴定<sup>[13]</sup>,在此基础上开展遗传多样性和群体结构等分析,对库种质资源的遗传多样性进行系统和深入研究。如果进一步拓展,可把表型组学、转录组学、蛋白组学、代谢组学、表观组学等有机结合起来<sup>[14]</sup>,用系统生物学的思路和方法,开展种质资源的变异组学研究,阐明控制重要性状的遗传和分子基础,挖掘有利等位基因并得到应用,全面了解中国的种质资源自然遗传变异“家底”。

#### 4.2 构建互为补充、相互配合的种质创新研发力量

从促进和逐步引导公益性科研单位和企业深入合作的角度考虑,国家在鼓励种子企业充分利用公益性科研单位研究成果的同时,在设立公益性科研项目时也可将优良作物种质资源或品种作为科研项目产出目标和考核标准,这样一方面有利于促进优良种质资源向种子企业流动,另一方面加强企业在商业化育种、成果转化体系建设方面的主导作用,提升企业品种培育与产业化能力,鼓励“育繁推一体化”种子企业整合现有育种力量和资源,充分利用公益性研究成果,按照市场化、产业化育种模式开展种质资源创新研究及品种研发,逐步建立以企业为主体的商业化育种新机制,引导和积极推进科研院所和高等院校逐步退出商业化育种。只有通过妥善的顶层设计,将两方面的种业科技力量协同起来,才能形成合力<sup>[15]</sup>。

#### 4.3 稳定作物种质资源研究和管理人才队伍

作物种质资源工作是一项长期的、基础性、出成果较难的工作。目前科研单位或高等院校因为受发表高分数论文的驱使,基本以实验室工作和技能训练为主,缺乏种质资源创新及田间育种等实际工作能力的训练。国家应该推动农业科研单位及高校适应现代种质创新发展的需要,尽快培养出在种质创新及种业科技方面有开拓性的人才,另一方面,公益性科研单位为了保证作物种质资源公益性研究工作的延续性,应提高作物种质资源研究经费和人员待遇,稳定科研队伍;企业应鼓励作物种质资源创新和改良,需要承担作物种质资源的收集保存、鉴定评价、共享服务、创新利用等工作,成立作物种质资源科研队伍和管理团队,制定相应的科研奖励机制和管理办法,明确科研成果的权益分配,推进育种材料规模化创制与利用,全面提升企业科技创新能力。

#### 4.4 建设相对完整的作物种质资源研究学科体系

支持种质资源创新研究的科学技术应是一群而不是单一学科,通过多学科的交叉融合以及信息、技术、材料等方面与不同生态区育种家的互动,综合集成 DNA 分子标记、染色体工程、转基因技术、远缘杂交技术等多种技术,创造具有优质高产、多抗高效、多个优异基因聚合、综合性状良好的突破性新种质,实现突破性新种质的技术创新。另一方面针对田间育种和生产急需的高产、高效、优质和特殊功用等农作物新性状,进行作物种质资源的鉴定评价和创新,利用现代分子生物学技术,努力实现外缘、远缘目的性状基因的传导,创建特殊桥梁亲本<sup>[16]</sup>,对初步鉴定筛选出的优异种质进行多年多点精准评价(如抗病性、适应性、品质稳定性等),从而构建农作物的“核心优异资源库”。

#### 4.5 加大优良作物种质资源的引进与保护

鼓励公益性科研单位或企业从国外引进优良作物种质资

源和先进育种制种技术,并对利用引进作物种质资源和先进技术产出的各类研究成果,国家应依法保护其合法权益,从而有效提高我国的种质资源创新效率及商业化育种水平。另外加强全民保护意识,严控作物种质资源对外流失,杜绝以借考察、参观之名,恶意猎取我国作物种质资源的现象发生<sup>[17]</sup>。农业主管部门、海关、出入境检验检疫局等部门配合,严控作物种质资源的对外出口,尤其是中国特有作物种质资源的出口。

#### 4.6 建立作物种质资源交换、合作和利益分享机制

国家投资建设了完善的作物种质资源共享平台和信息平台,实现了作物种质资源依法向社会开放,打破原有课题组式的研究模式,避免重复研究和资源浪费。中国的作物种质信息系统中主要涵盖的是护照信息和基本农艺性状信息,育种家和其他用户感兴趣的信息不多。建议丰富“中国作物种质资源信息网”,需要重建数据库系统框架,综合集成作物种质资源信息,把基因组信息(包括基因型数据、基因信息、等位基因信息、标记信息等)、目标性状表型信息、谱系信息、生态环境信息进行整合,建立和完善作物种质资源的电子基因库,建立遗传信息数据库,建立作物种质资源分子指纹图谱数据库等,同时需要研发种质资源新型统计分析方法,使信息系统数据更实用、界面更友好、使用更简单、服务更便捷,从而真正方便作物种质资源的信息查询和共享利用;另外种质资源流动要有良好的商业环境、诚信的合作伙伴、完善的知识产权保护体制和价值共享机制<sup>[18]</sup>,因此需要建立科学的种质资源流动机制,保障各自权益,需要资源拥有者进一步解放思想,大开门户广泛合作,鼓励种子企业与农业科研单位(科研院所或高校)共同参与作物种质资源的鉴定评价、创新改良和新品种选育,联合组建技术研发平台和产业技术创新战略联盟,在平台中作物种质资源提供者可按照资源贡献率在最终产出成果中分取利益,逐步形成以企业为主体、市场为导向、资本为纽带的利益共享、风险共担的作物种质资源创新利用模式<sup>[19]</sup>,从而实现商业化育种体系的繁荣与昌盛。

## 5 结语

我国是一个作物种质资源大国,但是绝大多数种质资源还没有得到有效利用。如果说我国作物种质资源工作的重点过去在于收集和保存,今后必将转向研究和利用。从全球范围来看,生物技术育种目前已进入以抢占技术制高点与经济增长点为目标战略机遇期,围绕人才、基因、技术和市场的国际竞争日趋白热化<sup>[20]</sup>。尽管野生种质资源带有许多优异基因,遗传资源丰富,但同时也带有连锁不利基因,并且难以导入外源基因且导入外源基因后基因表达存在很大难度,加上未来我国对粮食数量和品质要求难以通过常规种质资源鉴定和育种技术来满足,仅采用常规手段,见效慢、周期长,而且预见性差、准确率低,因此必须建立新的生物技术与常规育种技术、高效栽培技术相结合的现代生物育种体系,在种质资源中发掘新的优良基因,克隆新的优良基因,建立基因文库。应用新的生物技术,研究各种优良基因的多样性和遗传特点,为新基因在育种中的利用提供科学依据,这将是全面提升我国种业科技核心竞争力的关键举措之一,也是保障我国粮食安全的必由之路。

张文,王普昶,李世歌,等. 岩溶土无机碳微生物转化过程与机制研究进展[J]. 江苏农业科学,2017,45(23):14-17.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.23.004

# 岩溶土无机碳微生物转化过程与机制研究进展

张文,王普昶,李世歌,丁磊磊,莫本田

(贵州省草业研究所,贵州贵阳 550006)

**摘要:**土壤无机碳在全球碳平衡中具有举足轻重的作用,介绍土壤无机碳循环过程的研究进展,回顾总结国内外岩溶作用与无机碳微生物转化过程研究结果,并结合西南岩溶碳研究的现状,提出岩溶土无机碳微生物转化过程及相关机制的研究将是今后岩溶碳研究的重要方向,为科学认识和预测不同石漠化强度下岩溶山区土壤无机碳转化与迁移趋势,有效制定提高土壤碳库平衡的技术和战略提供了科学依据。

**关键词:**岩溶土;转化与迁移;微生物;土壤无机碳循环

**中图分类号:** S181 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2017)23-0014-04

随着全球气候的不断变化,人类赖以生存的环境受到了极大的威胁,减少温室气体排放,促进温室气体固定,成为当今生态环境领域所必须面对的难题。土壤碳库储量巨大且相

对活跃,其较小幅度的变化就会影响土壤与大气间的 CO<sub>2</sub> 交换,从而引起大气 CO<sub>2</sub> 浓度的变化,最终影响全球气候变化<sup>[1]</sup>。因此,土壤碳循环对全球碳循环贡献的研究越来越受到学术界的关注。

收稿日期:2016-08-03

基金项目:国家自然科学基金(编号:31602005);贵州省自然科学基金(编号:黔科合J字[2012]2197号)。

作者简介:张文(1982—),女,贵州大方人,硕士,副研究员,主要从事草地生态研究。Tel:(0851)83763059;E-mail:zhangwen0708@163.com。

通信作者:王普昶,博士,研究员,主要从事草地生态经营与管理研究。E-mail:wangpuchang@163.com。

## 1 土壤无机碳循环过程研究现状

### 1.1 土壤无机碳库研究现状

土壤碳库是陆地生态系统中最大的碳储库,包括土壤有机碳库(SOC pool)和土壤无机碳库(SIC pool)(主要是土壤碳酸盐)<sup>[2]</sup>。目前探讨土壤对大气 CO<sub>2</sub> 的影响、土壤碳储量、密度分布的研究多集中在土壤有机碳(SOC)方面,对碳酸盐

## 参考文献:

- [1]侯伟,付仲文,张冬. 农业转基因作物南繁试验管理现状及安全性分析[J]. 中国种业,2014(11):17-19.
- [2]康乐,王海洋. 我国生物技术育种现状与发展趋势[J]. 中国农业科技导报,2014,16(1):16-23.
- [3]我科学家成功绘制小麦D基因组草图[J]. 中国食品学报,2013,13(4):27.
- [4]新型水稻全基因组育种芯片研发成功[J]. 农业科技与信息,2013(10):14.
- [5]Jia G Q, Huang X H, Zhi H, et al. A haplotype map of genomic variations and genome-wide association studies of agronomic traits in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. Nature Genetics, 2013, 45(8): 957-961.
- [6]Tan L B, Li X R, Liu F X, et al. Control of a key transition from prostrate to erect growth in rice domestication [J]. Nature Genetics, 2008, 40(11):1360-1364.
- [7]Hou J, Jiang Q Y, Hao C Y, et al. Global selection on sucrose synthase haplotypes during a century of wheat breeding [J]. Plant Physiology, 2014, 164(4):1918-1929.
- [8]Wang W B, He Q Y, Yang H Y, et al. Development of a chromosome segment substitution line population with wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) as donor parent [J]. Euphytica, 2013, 189(2): 293-307.
- [9]张伟,赵海军,刘开昌,等. 以主导品种的推广促进种业的健康发展[J]. 农业科技管理,2012,31(5):80-82.
- [10]陈健鹏. 亟待开展转基因作物商业化整体战略研究[J]. 农业科技管理,2009,28(6):20-23,30.
- [11]刘海礁,刘德畅,孙虎,等. 议作物育种技术与中国种业安全[J]. 农业科技管理,2013,32(3):76-79.
- [12]Morrell P L, Buckler E S, Ross-Ibarra J. Crop genomics: advances and applications [J]. Nature Reviews Genetics, 2011, 13(2):85-96.
- [13]闫绍鹏,杨瑞华,冷淑娇,等. 高通量测序技术及其在农业科学研究中的应用[J]. 中国农学通报,2012,28(30):171-176.
- [14]黎裕,李英慧,杨庆文,等. 基于基因组学的作物种质资源研究:现状与展望[J]. 中国农业科学,2015,48(17):3333-3353.
- [15]盖钧铨,刘康,赵晋铭. 中国作物种业科学技术发展的评述[J]. 中国农业科学,2015,48(17):3303-3315.
- [16]马晓岗. “十二五”我省作物种质资源保护和利用研究发展构想[J]. 青海科技,2009,16(6):38-40.
- [17]付深造. 我国作物种质资源保护利用刻不容缓[J]. 中国农村科技,2014(3):32-35.
- [18]付春杰,付深造,唐文东,等. 种质资源流动机制亟待破题——育种家材料共享平台建设[J]. 中国种业,2014(5):7-8.
- [19]李芳财,严永峰,孙强. 我国种质资源保护利用现状及发展策略浅析[J]. 科技致富向导,2014(36):268-268.
- [20]秦丹丹,董静,许甫超,等. 分子育种时代的作物种质资源创新与利用[J]. 大麦与谷类科学,2016,33(3):1-4,19.