

1998年4月



粮食和农业遗传资源委员会

第五届特别会议

1998年6月8 - 12日, 罗马

在修订的《国际约定》范围内为多边系统编制
一份作物清单所涉及的技术问题

粮食和农业遗传资源委员会第四届特别会议要求国际植物遗传资源研究所与本委员会秘书处协商, 编写一份有关综合谈判文本第十一条所附《暂定作物清单》的技术方面的研究报告。本文及单独分发的CGRFA-Ex5/98/Inf.1/Annex 文件是应这一要求编写的。

目 录

执行概要

	段 次
I. 引 言	1 - 5
II. 确定作物内容的方针	
1. 作物分类学	6 - 18
2. 基因源概念	19 - 29
III. 结 论	30 - 35

附 录

暂定作物清单 (摘自《综合谈判文本》附件)

在修订的《国际约定》范围内 为多边系统编制一份作物清单所涉及的技术问题

执 行 概 要

粮食及农业遗传资源委员会于1977年12月1日至5日召开第四届特别会议，为多边种质交换系统编制了一份暂定作物清单，还同意请国际植物遗传资源研究所与本委员会秘书处协商编写一份有关这样一份清单的技术方面的研究报告。

暂定清单按常用名和属对作物进行分类。本文考虑如何以技术上能够接受的术语列出决定纳入多边系统的作物。在这种前提下，它讨论了分类学和基因源概念在确定所列作物的内容方面能够发挥的核心作用。

分类学提供了描述植物种质的完整而有效的方法，植物种质明确界定了各种作物，提供了有关植物遗传资源的有效交流手段。在确定这项分类方面已有国际程序和适当的管理机构，如国际分类学协会。分类学能够考虑到新的知识而发展，也有记录变化和意见分歧的程序。还有大量的分类学文献，即提供适当参考点且得到科学界承认的期刊和目录。

作物的主要分类单位是属和种。同种作物通常进行自由杂种繁殖，就作物而言，种往往既包括栽培品种，有时也包括最亲缘的野生或杂草形态。属包括不同数量的亲缘种，包括作物品种及其野生和杂草亲缘种。有一些考虑，如分类的稳定性和亲缘种对作物改良和作物进化的重要性等等，表明属是描述暂定清单中的作物内容的有益依据。作物的属很少发生变化，除少数情况外，界定明确而独立。在一些情况下，一个以上的属适于某种作物的改良，但这些已经众所周知，在文献中作了明确的描述。

基因源概念使用户能够认识到可用于通过杂交改良某一作物品种的一个亲缘种群的全部基因。它反映了一种作物及其植物学亲缘种内的实际和潜在的基因流。通常认识到一种作物有三种基因源（指定的初级、二级和三级基因源），反映了易于进行杂交和培育杂交种。

基因源方法描述何种作物能相互杂交的生物学现实，或描述某一种或几种野生亲缘种与有关作物的亲缘程度。它提供了一种实用的方法，根据实验结果描述作物品种之间的关系，并考虑作物亲缘种在植物育种中日益增加的重要性。

基因源的内含始终与所考虑的作物有关，是确定当前育种行为和可杂交性的工具。它以动态的方式反映我们许多作物种之间的复杂而相互联系的关系及其从亲缘祖代至今的进化。基因源概念被应用于许多作物，并已证明了它在指导作物改良和保护方面的价值。

基因源概念补充而不是取代正式的分类学。从分类学角度界定将列入的作物之后，提及作物基因源为确定或确认将列入任何多边系统的品种范围提供了一个框架。它提供了一种重要的实验手段，证实所做决定的有效性及认识到在何种情况下一个以上的属对某种作物的改良具有重要性。

虽然有关分类单元所属的特定基因源的信息往往有限，但这些信息总是在不断增加，新的信息能够比较容易纳入现有的知识框架。此外，有关分类关系的新信息能在实验中核实，也能够由其它工作人员证实。

制定的任何方法应当简明，毫不含糊，易为不同的用户解释，并满足他们的需要。为考虑新的知识和不断变化的使用方式增补新的内容，应当是所采用的任何程序的一个应有特征。分类体系应当提供这种特征，而证据表明以属为基础的分类可能最为合适。基因源概念为证实利用属适宜提供了一种方法，为在用户需要明确的情形下把作物群扩大到属以外或如果特定的属很大且多样时把作物群限制在属之内奠定了基础。很可能将需要以作物为基础的专门知识才能确定如何适当处理至少某些比较重要或在分类学上比较复杂的作物群，也可能需要专家审查和增补资料。

在修订的《国际约定》范围内 为多边系统编制一份作物清单所涉及的技术问题

I. 引 言

1. 在粮食和农业遗传资源委员会1997年12月1日至5日召开的第四届特别会议上，为多边种质交换系统提出了一份暂定作物清单。会议指出，用于确定暂定作物清单的标准是(i) 作物对地方或全球粮食安全的重要性的和(ii) 各国对植物遗传资源的相互依赖程度。会议还指出，“许多国家建议在今后编制暂定清单时可使用其它新的标准。”¹ 会议同意请国际植物遗传资源研究所与本委员会秘书处协商，编写一份有关这样一份清单技术方面的研究报告。²
2. 暂定清单按常用名和属对作物进行分类。本文考虑了如何以技术上能够接受的方式来界定决定纳入多边种质交换系统的作物。目标是找到适当的方式来确定适合多边种质交换系统的暂定清单在作物和属方面的内容（即适用作物，便利获得这些作物的方式将根据委员会制定的标准商定。）。
3. 可以确定查明同植物遗传资源管理有关的植物群的各种方法。初步分析可能与确定作物单元有关的植物遗传资源的各种不同特性表明，决定内容的两项关键要素是系统分类和所涉的作物基因源的性质，这两项关键因素实际包括大多数保存和使用方面的问题，因而是本文的主要重点。分类学涉及不同作物的分类，使用正式分类学对这些作物进行描述并予以界定。作物基因源是界定具有改良或改变某种作物潜力的遗传材料源。
4. 在为多边种质交换系统编制一份作物清单时，各国政府将希望对所确定和列入的植物群予以准备说明。需要一种易于毫不含糊解释、适用和更新的系统。本文阐述了作物基因源的分类学知识和信息如何才能为界定纳入所列作物的材料提供有效程序。虽然暂定清单将饲草单独列出，但是在此将其与作物一起考虑，并指出在处理这些饲草时需要加以考虑的任何特定因素。
5. 关心的首要问题是根据作物改良的传统方法确定的程序，这些方法通过正常的杂交和选育掺入了来自这些作物亲缘种的遗传材料。因此，对作物的处理包括其野生亲缘种，反映了作物改良使用的这类材料日益增加。遗传工程方法的开发和利用所涉及的问题不属于本分析的范围。

¹ 粮食和农业遗传资源委员会第四届特别会议报告第6段。

² 第7段，出处同上。

II. 确定作物内容的方法

II.1. 作物分类

6. 在暂定清单中，常用名是确定作物的基础，属是必要的说明。作物的一般性描述语和常用名可能出现混淆。因此建议采用通常的国际程序，利用拉丁文发展起来的分类系统具有国际互译性，从而取得共同的认识，是最适当的分类系统。实际上，正式的分类学分类为描述不同层次的作物提供了完整而有效的方法，在科学上可以核查。已经有国际程序和有关的管理机构如国际分类学协会对这种分类作出规定，记录变化和跟踪发展情况。分类学提供了一种理想的交流方法，而文献框架允许研究人员跟踪物种分类的变化和发展。

7. 分类体系任何一个层次的单个群体称作分类群，可以确定与作物分类有关的分类体系的若干不同层次。这些层次是：

科。由共同种系发生源的一个或几个属或族构成的、或多或少与其它种群有明显差异的一个类别；是目和族（或属）之间的主要类别。例如，豆科包含若干重要的作物（如花生、鹰嘴豆、豇豆、菜豆、小扁豆、蚕豆等等）和作物属。

属。由与种系发生有关和形态相似的一个或几个种构成的一个类别；分类体系中构成科与种之间主要类别的一个等级。属通常包含一些种，例如豇豆属包括豇豆和若干其它重要作物（如绿豆、Bambarra豆和黑绿豆等）。

种。被正式认为区别于其它种群的一类生物。种在分类系统的属之下，是生物分类的基本单元。通常用于界定一群完全杂交繁殖的个体。例如，水稻（亚洲稻）便是一个种。

8. 在种之下还有进一步的系统分类层次，其中在描述和区分不同作物和一种作物内部不同种群之间最重要的类别为亚种和品种。

9. 作物属于不同的科，其中有些科包含许多有用的种，而另外一些科仅仅包含几个种。*Poaceae*（禾本科）尤其重要，包括*Saccharum*（甘蔗）、*Sorghum bicolor*（高粱）、*Oryza sativa*（稻谷）、*Zea mays*（玉米）、*Triticum spp.*（小麦）和其它许多种。同样，有些属包含许多作物种，如*Brassica*属（包心菜、油菜和芥菜），而其它属仅有一种作物，如*Lens*（小扁豆）和*Cocos*（椰子）。当然，科和属两者均可包含大量有用的植物品种。虽然这些植物种没有作为作物种植，但作为药用种和对薪柴、建筑和许多其它目的都很重要。

10. 作物往往系统分类为种（例如*Pennisetum glaucum*，珍珠米；*Vigna unguiculata*，豇豆），但有时也分为亚种（如*Zea mays ssp. mays*，玉米），甚至分成品种（例如*Brassica oleracea* L. var. *italica*，花椰菜或calabrese）。因此，在任何一份作物

清单中，人们可能发现涉及不同的系统分类层次（例见插文 1），而属通常是容纳作物的最方便机制。

11. 人们日益认为种应当包括所有完全互交可育的阶元(生物学种概念)。这一概念尚待在作物分类中充分采纳，在作物分类中即使野生和杂草阶元完全能与作物繁育也往往被视作种(如*Lens culinaris* - 小扁豆及其野生亲缘种*Lens orientalis*)。在这种分类方法承认基因交流的重要性，但尚未象应用基因源方式所允许的那样得到充分反映（见下文II.2）。

12. 人们经常提到对系统分类学的一项关注是有些种群，尤其是栽培种群，很难使人们作出意见一致而令人满意的分类。这种情况在种和种以下的级别以及有关分类群中包含作物时尤其明显。然而，虽然否认栽培作物分类的复杂性是错误的(见插文 1 - 小麦),但应当强调这些情况主要出现在种或种以下的级别。当今分类学家一致的意见是借助于现代分子学方法和其它方法能够进行适当的系统分类。

插文 1: 不同作物的系统分类

椰子: 构成属中唯一的一种作物			
科: Palmae	栽培种: <i>Cocos nucifera</i> L.		
存在于多种野生和栽培形态中。最可能的驯化地区是马来西亚，在东南亚与西太平洋之间的海岸和岛屿上。			
鹰嘴豆: 同一属中拥有互交可育种的一种作物			
科: Leguminosae	栽培种: <i>Cicer arietinum</i> L.		
该属包含大约40个种。 <i>C. reticulatum</i> 1974年首先在土耳其东南部发现，与该作物完全互交可育。它们目前虽然都获得了种的级别，但可能是同一生物种。该作物与 <i>C. echinospermum</i> 也可以进行杂交。属内有其它杂交可育种群，许多种具有潜在有益的特性。			
小麦: 亲缘程度密切的种中的一些作物，其来源复杂且有亲缘关系			
科: Poaceae	栽培种 ³ :	六倍体:	<i>Triticum aestivum</i> - 普通小麦
		四倍体:	<i>T. turgidum</i> - 硬质小麦、二粒小麦和其它小麦
			<i>T. timopheevi</i>
		二倍体:	<i>T. monococcum</i> - eikorn
二倍体和四倍体小麦有野生形态，被广泛用于育种活动。这些作物在系统分类学上被称为种的品种。在原始普通小麦中有来自 <i>Triticum</i> 和 <i>Aegilops</i> 属的三个染色体组（称为A、B和D组），与若干其它属（ <i>Agropyron</i> 、 <i>Hordeum</i> 、 <i>Secale</i> 等）有密切关系，对育种和研究很重要。			

³ J. Smartt和N.W. Simmonds（编辑）。1995年。《作物进化》，第二版，Longman出版社，联合王国。

13. 在较高的系统分类等级，作物分类更加稳定，问题较少。对有用的作物和饲草种而言，属可能是系统分类等级中说明同意纳入多边系统的作物内容的一个特别合适的等级。作物的属在系统分类修订过程中很少发生变化，而且在近来发生这种变化的情况下（例如*Vigna*属），并未给所涉及的作物带来任何实际差异。在某些情况下，一个属包括若干不同的作物(例如*Brassica*属 - 油籽、蔬菜和饲草作物；*Allium*属 - 洋葱、韭葱、大蒜、细香葱等等)：这些作物往往互为有用特性的重要来源，整个属为从事特定作物研究的工作人员提供了资源 - 这是在确定基因源时往往得到反映的一个特征。

14. 在若干情况下,一个以上的属对某种作物的改良有用,但这些属界线比较清楚,容易确定和已经众所周知。例子包括为小麦有用基因主要来源的*Aegilops*属(另见插文 1) 以及用于西红柿育种的*Solanum*属和为作物改良进行杂交的*Cruciferae*属 (*Brassica*、*Raphanus*、*Sinapis*、*Eruca*等)。事实上,在这些情况下,属很可能是进行操作的最适当的功能一级,因为属同任何单独的一对种一样普遍反映了效用和杂交关系。

15. 有大量关于许多温带饲草种如*Lolium* spp. (黑麦草)和*Trifolium repens* (白三叶草)、*Medicago sativa* (紫花苜蓿)和*Dactylis glomerata* (鸡脚草)的系统分类学资料,但是关于热带饲草的资料和理论仅仅刚开始出现。实际上,饲草分类方面有些困难尚未解决。种内遗传变异大,种间分离差。在热带牧草中,这种情况反映为几个属中存在数量相当多的种。从育种和作物改良角度来看,这种情况十分有益,因为提供了从自然种群进一步选育的巨大潜力,属间(以及属内)的关系也十分重要。

16. 有些作物(例如菊苣,*Cichorium* spp.)仍然需要进行大量的系统分类学研究,但许多主要作物已有很好的分类学定义,尽管分子学信息无疑将澄清其余的一些困难。对无性繁殖种如木薯和山药来说可能尤其如此,它们需要改进分类学定义和加强种间关系和可杂交性的研究。

17. 不同的分类学家确实处理材料的方法不同,随着时间的推移,分类确实有变化和发展。在许多情况下出现了一种趋势,即减少识别种的数量(例如在*Sorghum*属中),并把作物种及其互交可育的野生或杂草亲缘种并入一个单一种。虽然低估某些种群的分​​类学问题是错误的,但重要的是认识到在分类学作为一门学科内部存在着处理这些问题的方法。有达成国际一致意见和进行为人们接受的修改的程序。分类体系使人们能够跟踪分类的变化,并能够确定为人们接受的同义词。可以原引权威和来源确保信息和材料交换的明确性。

18. 总体而言,正式的分类系统提供了确定作物群的明确有效方法,可用于决定任何清单的作物内容。目前已经有了科学的研究和描述框架,形成了确定和考虑差异的方法。在探讨属是否为任何描述系统的最佳操作层次方面存在着一些优点:比较稳定、包括最有用的类别,以及在需要进一步定义时,往往在属一级进行也可能最有益。然而,它并非始终能够完全反映构成作物及其有用的亲缘种的植物群之间的杂交关系。

II.2. 基因源概念

19. 基因源概念由Harlan和de Wet⁴提出,在植物遗传资源管理方面为人们广泛接受和应用。它补充了正式的分类学,使用户能够认识到可用于通过分类群之间杂交改良一个作物种的一群亲缘种的所有基因源。Harlan和de Wet把一种作物基因源分成三类:根据自然(有性)基因交换的方便程度而定为第一、第二和第三基因源。

*第一基因源(GP1)*由驯化种以及那些完全互交可育和容易同驯化种杂交的野生亲缘种构成。第一基因源符合生物种的传统观念。在第一基因源中,杂种通常可育,容易进行基因转移。

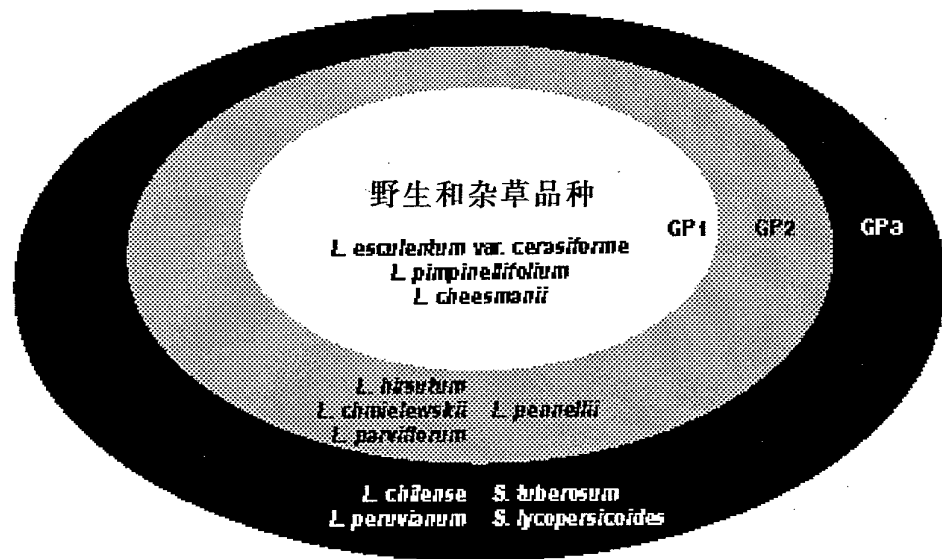
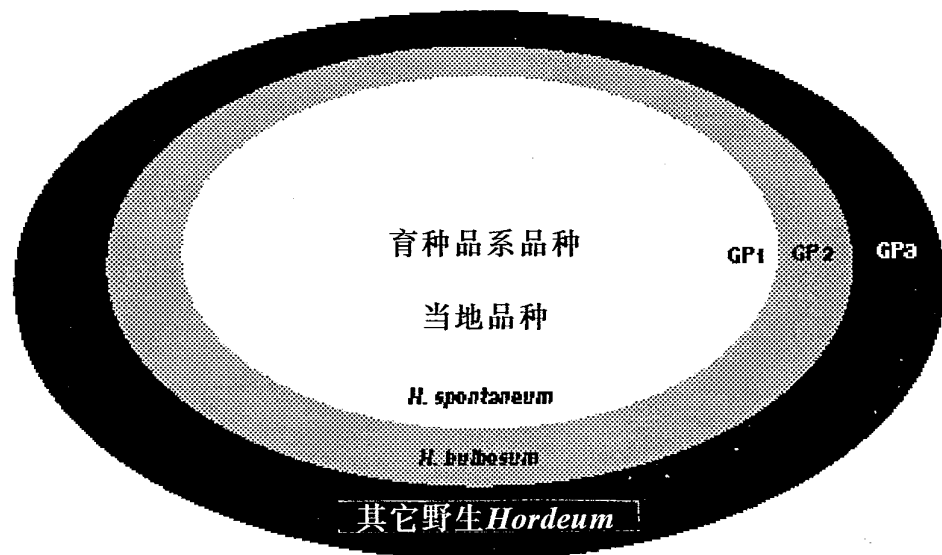
*第二基因源(GP2)*由那些能够利用常规育种方法与驯化种进行杂交,至少培育出一些可育后代的生物种组成。基因转移能够进行,但不太容易,因为许多杂种不育或难以成熟。

*第三基因源(GP3)*由能够使用特殊技术如胚胎培植或组织培养进行杂交的那些种组成。杂种通常完全不育或不能成活,但基因转移可以实现,或可以育成新的双二倍体种。

20. 基因源方法证明是对亲缘种进行归类的十分有效而有用的方法,已用于几乎所有作物。它说明何种作物可与何种作物杂交的生物现实,或说明某种特定的野生种与有关作物之间的亲缘程度。它侧重亲缘分类群之间的基因流动潜力,并提供了根据实验结果说明作物种之间关系的实际方法。事实上,应用基因源概念的一个主要特征是其结果可以通过实验进行核实,因而可以由其它工作人员证实。因此,如果在与一个作物的杂交中使用新的种,并育成了后代,其基因源状态可以确定,并能独立核查。把作物与其野生亲缘种相结合的作物基因源成为植物遗传资源管理和利用的一个公认重点,它考虑到了作物亲缘种在植物育种中的重要性日益增加(事例见插文2)。

⁴ J. Harlan和J.M.J. de Wet, 1971年,《分类群》, 20:509-517.

插文 2 两种作物的基因源

西红柿基因源 (*Lycopersicon esculentum*)大麦基因源 (*Hordeum vulgare* L.)

21. 基因源名称补充了分类学说明。它在一定程度上反映了作物往往在不同层次分类（种、亚种、品种）。总的来说，这三个基因源包括在属内。假如并非如此，基因源描述在确定以属为基础的作物内容名称在何处给用户带来困难方面特别有价值（如同某些*Solanum*和*Lycopersicon*种的可杂交性）。

22. 与系统分类相比，基因源描述仍然是非正式的，在一定程度上是主观的。不同的作者就其对不同的基因源所作的确切限制有差异，尤其是GP3在界定一种作物育种时的基因范围外限时是灵活的。目前生物技术的发展通过为种间杂种使用胚胎拯救方法，为GP3的重大发展创造了条件。然而，它仍然是确定同的单个作物有亲缘关系的有益种的一种重要方法，这些种对作物改良工作具有头等重要性。

23. 一种作物的第一基因源包括作物本身和与其完全互交可育的那些分类群。作物与其近亲野生和杂草亲缘种之间的基因往往持续自然流动（例如在珍珠米与其野生亲缘种之间和玉米与野生玉蜀黍之间）。一些权威人士认为这一过程在为地方栽培品种提供新的变异来源方面很重要。如下文所述，第一基因源的野生亲缘种也是植物育种者的一个重要来源。

24. 基因源含量与所考虑的作物始终是相对的。确定属于第一、第二或第三基因源的种取决于具体说明的作物。例如，野生*Secale cereale*构成黑麦第一基因源和小麦第三基因源的一部分。实际上，只要规定参考点后就不大可能产生困难，目的是支持有效地利用这些材料。它反映了我们的许多作物种之间的复杂而相互联系的关系以及它们从全世界许多代农民管理的亲缘祖代发生的进化。在这方面，描述特定作物的基因源含量提供了补充分类学描述所需的额外信息。

25. 基因源特性首先反映了分类群之间的生物学亲缘关系。然而，它们也取决于不同分类群之间繁殖障碍的性质。这些性质通常大体一致，但某些属或科之间可能有重大差异。例如不同的*Vigna*种进行杂交证明极其困难（尽管不是不可能），即使从分类学角度来看它们的亲缘关系相当密切。相反，在Cruciferae中，如*Brassica*和*Raphanus*等不同属的种进行杂交可能比较容易。同样，基因源描述未必完全反映种之间的进化关系以及构成作物进化一部分的杂交和物种形成的复杂方面。因此，基因源概念补充而不是取代分类学方法和进化研究。⁵

26. 对许多作物而言，有关不同基因源含量的可靠信息有限。我们往往对应纳入GP2和GP3的种了解不多，在少数一些情况下甚至我们对GP1的认识也有限。这一点对制定一项多边系统的实际意义有限，要有反映我们不断扩大的知识的条款。事实上，在这种意义上，使用基因源概念补充分类学的一个优点是基因源概念以实践记录结果为基础，它能够反映新知识和需要的发展。

⁵ 分子学研究增加了有关这些方面的大量新的信息，使我们能够确定许多科和属中共同的基因特性，并了解种间不亲和的性质。

27. 人们尤其对饲草种不同基因源的范围和含量认识不足。热带饲用豆科植物的栽培品种往往为生态型，这些品种或者是从同一种的野生种群中收集，或者来自以这些收集品为基础的育种计划。然而，在有些情形下，能够得到有关基因源的信息，补充以属为基础的分类学方法（如在*Lolium*和*Festuca*杂交的情况下）。一些饲草的种和属是栽培作物基因源的一部分，反之亦然（如*Agropyron*和小麦），要反映这一点就要在任何清单中需要保持一致性。

28. 属于GP1、GP2和GP3的作物野生亲缘种日益用于作物改良。我们现在所有的主要作物几乎都包含从野生亲缘种获得的基因，而分子遗传技术则可能促进确定和转移有用特性的过程。从野生亲缘种获得的重要特性包括今天西红柿栽培品种中的许多抗病基因、稻谷对矮株病毒的抗性（从*Oryza nivara*稻谷GP1亲缘种中获得）、马铃薯对线虫的抗性、小麦对疾病的抗性和蛋白质含量以及许多其它特性（插文 3）。

29. 因此，在确定任何作物清单的内容时，提及作物基因源为确定可列入的物种范围提供了一个重要的框架。它为证实所作决定是否正确提供了一种实验性手段，并为作物间相互参考提供了途径，用以防止供应量受到限制，违背多边系统的目标。它补充分类学方法，并增加其信息，为确定分类群的潜力和效用提供了一种实际方法。

插文 3: 西红柿基因源的利用

所有基因源均用于改良栽培的西红柿。使用的一些重要品种及其拥有的特性如下：

第一基因源

L. pimpinellifolium: 对包括*Fusarium oxysporum*; *Cladosperium fulvum*, *Pseudomonos spp.* 和*Verticillium datiliae*在内的病源体的抗性; 水果可溶性固体和维生素C含量高; 耐高温。

L. cheesmanii: 改变果梗(单个水果的果柄) 便于机械化收获; 皮厚, 便于运输; 从加拉帕戈斯群岛沿岸发现的一种野生西红柿中获得耐盐性。

第二基因源

L. hirsutum: 对包括烟草花叶病毒和*Cladosporium fulvum*在内的病源体的抗性; 内外颜色更加鲜艳; β -胡萝卜素(前维生素A) 含量更高; 耐低温。

L. chmielewskii: 可溶固形物增加。

第三基因源

L. peruvianum: 对*Fusarium oxysporum*, *Meloidogyne spp.* 和*Cladosporium fulvum*等病源体的抗性; 维生素C含量更高; 抗旱。

Solanum lycopersicoides 耐低温。

III. 结 论

30. 本文件以技术上可以接受的方式讨论了为一种多边种质交换系统指定作物时使用正式分类学和基因源概念所涉及的一些问题。文件建议，这两种要素与确定作物有最直接的关系，保护方法、种质利用方式等其它方面或对植物遗传资源进行分类的其它方法可有效地纳入以这两种要素为基础的体系。⁶

31. 分类程序是国际上接受的描述作物及其亲缘种的有效方法。虽然不同的专家对具体分类有极为不同的意见，但是形成了一个表述、考虑和最终解决任何差异的明确框架。系统分类至属一级既稳定又易在暂定清单中应用。品种和种可能发生变化，其分类可能因不同的作者而有差异。但是，在属一级的变化并不常见，而且即使确实有变化，也能有效地纳入现有的方法⁷。因此，属一级的分类可能特别有益于以技术上能够接受的方式指定各种作物，并能够充分反映种间基因流量的重要性。

32. 基因源概念是一种描述可能有益于改良某种作物的亲缘分类群的宝贵而实用的方法。它补充但不取代正式的分类学。有关分类群所属的特定基因源的信息往往有限，但是一直在增加，而新的信息比较容易纳入现有的方法。此外，有关分类群关系的新的信息可以通过实验加以核实，并能够由其它工作人员证实。

33. 在作物改良中日益利用全部基因源，这种情况可能继续。GP3种已经在西红柿和小麦等作物中提供了重要的特性。人们不得不得出这样的结论，即采取一种全面的方针对保持单产增长率和确保粮食安全可能日益重要。同样清楚的是对未来有用特性来源的预测很难肯定。有充分的理由将所有潜在有用的种质作为作物的一部分列入，以往的作物改良工作充分证明了这一点。

34. 考虑到确定作物单元内容的生物和技术方面，委员会不妨制定一系列能够用于确定作物单元的总原则。从本文所提供的信息来看，建议这些原则应涉及使用一种分类方法，以确定将纳入一种多边系统的属为重点，并利用基因源作为补充，以确保将确定来自GP1、GP2和GP3的分类群纳入。可能将需要各种作物的技术专家进行适当的详细描述。他们也应当能够就应考虑一个以上属的少数情况提供意见（例如就小麦而言涉及的*Triticum*和*Aegilops*）。还将需要研究所列出的饲草和作物属（例如*Vicia*作物和饲草品种）之间的一致性。

35. 至关重要的是认识到制定的任何系统需要能够随着知识的增长和技术及利用方式的变化加以修改。可能需要有关作物的专门知识偶尔回顾发展情况，以考虑到新的分子遗传信息和新的特定生产特性需要。虽然确定作物单元的性质和问题众多，各种各样，但并非无法解决，可以制定灵活而演进的程序，并以现有的生物知识为基础。

⁶ 可能需要在一定程度上考虑其它一些特性如种稀有性：例如，濒危品种可能因国家立法或CITES限制流动的条例而受到限制。这种情况相当少见，很可能最好逐例单独处理。

⁷ 最近的一个事例涉及Marechal在1978年重新划定*Vigna*属。

附 录

暂定作物清单 (摘自综合谈判稿附件)¹

常用名	属 ²	常用名	属
稻谷	<i>Oryza</i>		<i>Cynodon</i>
燕麦	<i>Avena</i>		<i>Dactylis</i>
黑麦	<i>Secale</i>		<i>Elymus</i>
大麦	<i>Hordeum</i>		<i>Festuca</i>
小米	<i>Pennisetum</i>		<i>Hyparrhenia</i>
	<i>Setaria</i>		<i>Ischaemum</i>
	<i>Panicum</i>		<i>Lolium</i>
	<i>Eleusine</i>		<i>Melinis</i>
	<i>Digitaria</i>		<i>Panicum</i>
	<i>Zea</i>		<i>Paspalum</i>
玉米	<i>Sorghum</i>		<i>Pennisetum</i>
高粱	<i>Triticum</i>		<i>Pennisetum</i>
小麦	<i>Arachis</i>		<i>Phalaris</i>
花生	<i>Vigna</i>		<i>Phleum</i>
虹豆	<i>Pisum</i>		<i>Poa</i>
豌豆	<i>Phaseolus</i>		<i>Schizachyrium</i>
菜豆	<i>Lens</i>		<i>Setaria</i>
小扁豆	<i>Glycine</i>	豆 科 (<i>Leguminosae</i>)	<i>Themeda</i>
大豆	<i>Solanum</i>		<i>Aeschynomene</i>
马铃薯	<i>Ipomoea</i>		<i>Alysicarpus</i>
甘薯	<i>Dioscorea</i>		<i>Arachis</i>
山药	<i>Manihot</i>		<i>Bauhinia</i>
木薯	<i>Musa</i>		<i>Calopogonium</i>
香蕉、大蕉	<i>Citrus</i>		<i>Canavalia</i>
柑桔	<i>Saccharum</i>		<i>Centrosema</i>
甘蔗	<i>Beta</i>		<i>Clitoria</i>
甜菜	<i>Cucurbita</i>		<i>Coronilla</i>
南瓜	<i>Lycopersicon</i>		<i>Desmodium</i>
西红柿	<i>Cocos</i>		<i>Dioclea</i>
椰子			<i>Galactia</i>
			<i>Indigofera</i>
			<i>Lablab</i>
芋类	<i>Xanthosoma</i>		<i>Lathyrus</i>
芋头	<i>Colocasia</i>		<i>Lespedeza</i>
卷心菜、油菜、芥菜	<i>Brassica</i>		<i>Leucaena</i>
洋葱、韭葱、大蒜	<i>Allium</i>		<i>Lotus</i>
鹰嘴豆	<i>Cicer</i>		<i>Lupinus</i>
蚕豆	<i>Vicia</i>		<i>Macroptilium</i>
木豆	<i>Cajanus</i>		<i>Medicago</i>
甜瓜	<i>Cucumis</i>		<i>Melilotus</i>
			<i>Neonotonia</i>
亚麻	<i>Linum</i>		<i>Onobrychis</i>
向日葵	<i>Helianthus</i>		<i>Pueraria</i>
			<i>Stizolobium</i>
棉花	<i>Gossypium</i>		<i>Stylosanthes</i>
油棕榈	<i>Elaeis</i>		<i>Teramnus</i>
			<i>Tephrosia</i>
饲 草			<i>Trifolium</i>
禾本科 (<i>Gramineae</i>)	<i>Agropyron</i>		<i>Trigonella</i>
	<i>Agrostis</i>		<i>Vetiveria</i>
	<i>Alopecurus</i>		<i>Zornia</i>
	<i>Andropogon</i>		
	<i>Arrhenatherum</i>		
	<i>Axonopus</i>		
	<i>Brachiaria</i>		
	<i>Bromus</i>		
	<i>Bothriochloa</i>		
	<i>Cenchrus</i>		
	<i>Chloris</i>		

¹ 摘自1997年12月1-5日在意大利罗马召开的粮食和农业遗传资源委员会第四届特别会议报告。

² 列出属仅为说明某种作物属于哪一属。