



演化生物领域“探月专家”加盟浙江大学 探寻生命演化的那些事儿

本报记者 何冬健 林婧 通讯员 许雅文

21年前,一张类似生命密码图的人类基因组精确图谱面世,让我们得以一窥人类生老病死的遗传奥秘。

而在过去的十余年,全球蚂蚁基因组联盟计划、万种鸟类基因组计划……一项项令人惊叹的生命科学领域“探月工程”在国际知名演化生物学专家张国捷的主持、参与下向高、向深迈进,突破了一个又一个的难关。

近日,这位学者来到杭州,以讲席教授的身份全职加入浙江大学医学院,将在良渚实验室展开他的科学探索,为浙江的生命健康高地建设贡献自己的国际视野与科学力量。

在余杭塘路866号的临时办公室,记者与张国捷对谈一个多小时,畅聊了生命的起源与未来,揭开了那些重大基因工程项目的一角面纱。

小蚂蚁的“大社会”

肩负种族繁衍大任的蚁后,扛起觅食筑巢重担的工蚁,成为保卫群体武器的兵蚁……看似低等昆虫的小蚂蚁却有着如此复杂的社会结构和明确的社会分工,可见其智慧。

亲缘关系是社会系统形成的基础,不同于人类社会系统形成受到宗教、文化、法律等伦理的影响,蚂蚁的社会系统是单纯生物、化学和物理反应过程调节的结果。科学家们敏锐地观察到这一点,将其看作一个研究物种社会行为的动物模型。

“我们希望通过对蚂蚁这种生物及其社会行为模式的研究,能够进一步挖掘出影响生物寿命和社会行为的关键基因,而这些结果将为理解人类的寿命和社会系统组织提供一些重要的线索与证据。”张国捷说。

蚂蚁社会分工的发育过程和多细胞有机体的细胞分化过程高度相似:胚胎干细胞可以分化成不同的细胞类型,能分化成成体动物的所有组织和器官。其中,有些细胞分化出负责繁殖的卵巢或者精巢,也就是繁殖细胞,而其他细胞就成为支撑这个肌体的体细胞。生殖细胞与体细胞皆源自同一受精卵,但细胞分化后体细胞不负责繁殖,由生殖细胞负责遗传个体基因。

蚂蚁的社会系统就有点像这样一个组织:蚁后是系统里的“生殖细胞”,而其他蚂蚁个体就是支撑系统运作的“体细胞”。所以,科学家们也将蚂蚁叫做“超个体”。

那么,为什么有些个体会定

向发育成工蚁,有些则发育成蚁后,这其中的转变又是由哪些基因来调控的?

利用新一代测序技术,张国捷和团队为弓背蚁和印度跳蚁两种蚂蚁建立了基因组图谱。他们发现在蚁群内部,虽然不同蚂蚁的基因组DNA水平没有差异,但许多基因在不同的工种间表达差异极大。也就是说,不同工种蚂蚁的遗传信息在合成不同的功能性基因产物时,会产生不同的结果。

端粒酶是一种在染色体复制过程中,维持被称为端粒的DNA-蛋白质复合体的长度的酶,与个体衰老息息相关。端粒变短,细胞就会老化;相反,如果端粒酶活性很高,端粒的长度就能得到保持,细胞的老化就被延缓。

以印度跳蚁为例,某些工蚁的端粒酶表达水平与受精卵相似,并且远高于普通工蚁,而这种工蚁通常在特定条件下会变成蚁后。同时,他们发现,普通工蚁的端粒酶活性很低,它们的寿命也往往很短,可能只有几周。而可交配工蚁的端粒酶却非常高,它们的寿命也相对较长,可达到二十余年。

“通过基因表达比较,我们还发现,这些差异表达的基因主要参与了神经功能及化学通讯功能,例如:味觉受体、嗅觉受体以及与糖类代谢有关的基因等。”张国捷补充道,“这就提示我们,这类基因在蚂蚁社会分工及信息交流中具有一定作用。”

鸟类的“物种树”

生活在南极、憨态可掬的企鹅与栖息在美洲森林、娇小可人的蜂鸟是亲戚?“大长嘴”啄木鸟与“大圆脸”猫头鹰在过去是一家?

自1861年世界上第一块始祖鸟化石被发现以后,鸟类的起源一直是科学家感兴趣的话题。这一切要源于约6600万年前,地球上庞大动物种群恐龙覆灭之后,幸存的鸟类经历了一次“大爆炸”式的物种演化,在1000万年以内出现了1万多个物种,形成现今鸟类的物种格局。

“我们希望探寻物种大爆发背后的遗传学基础。”张国捷告诉记者,万种鸟类基因组计划迄今已完成了数百个鸟类物种的基因组测序、组装和全基因组比较分析,囊括了现代鸟类的主要分支。

他将这份图谱称为“物种树”,枝杈分岔间,通过溯源基因的异同,一张鸟类演化的大地图正在逐步构建——鸟类物种出现的先后顺序、性状演化的时间长度、甚至是在更古老的某分子里的遗传信息,在这一棵“树”上一览无余。

由于现代鸟类在早期快速形成物种,扩张的时间很短,物种间单个基因的水平上没有演化出足够多的序列差异,因此传统上仅用少量

DNA序列的方法很难提供足够的信息确定物种间的亲缘关系。张国捷团队决定采用全基因组DNA序列来推断鸟类物种树。但对如此多物种开展全基因组比较,对计算效率和准确性带来了巨大的挑战。因此团队开始建立全新的多基因组比对和分析方法来筛选数据。

“新方法极大地提高了跨物种的比对效率。”他说,比如,项目第二期研究鸟类基因组构建的全基因组比对序列总长为981兆碱基对,比此前以鸡和斑胸草雀为参考基因组构建的第一期鸟类全基因组比对序列在长度上提升了149%。

张国捷介绍,新的鸟类物种树彻底解决了今颚总目,即鸟类主干的早期分支问题,还对一些长期争议的关系给予确切的结论。比如,主要陆生鸟类如鸣鸟、鸚鵡、啄木鸟、猫头鹰、鹰和隼等都来自同一祖先——顶级的捕食者,这类生物同时也是一种曾生存于美洲的巨型恐怖鸟的祖先。

未来在良渚实验室,从获得样品到分析完成,在超级计算机的支持下,一个常规鸟类物种的全基因组建立最快半个月即可完成。“接下来我们准备把现存的所有1万多种鸟类基因组完成解读,更全面地揭示物种起源和演化的内在规律。”谈及未来,他满怀信心。



张国捷教授在库房中整理各种标本。

演化与人类疾病

人们往往会认为演化生物学研究的对象是古老的物种演化历史事件。

然而张国捷认为,生命的演化不仅关乎过去,我们当下的世界也非演化的终点——随着新基因组学等其他生命科学领域各种技术的发展,我们不仅能够利用编码生命基本信息的基因组数据回溯过去30多亿年波澜壮阔的生命演化历史,也能够捕捉到人类在内的所有生物在当下随着环境变化的演变过程。

“对生命现象的全面理解,不仅需要我们知道哪个基因、哪个器官如何调控某种疾病和表型,也需要我们从演化的角度更深层次地理解每种疾病和表型如何演化形成,为什么会演化形成。”他说。

其实,我们可以把人体想象成一辆汽车,所谓的疾病就是车抛锚了。对于医生而言,需要检查出哪个部位出现什么问题,甚

至是哪段基因出现什么病变,如何对症下药。

而演化生物学恰恰是回答了一个“为什么”的问题:为什么会发生这样的现象?比如说,既然可能罹患阿尔兹海默症,那么为什么人类还会演化出一套如此庞大复杂的记忆系统?

“一个性状的出现,往往是长期自然选择的结果,是物种在环境中不断适应选择淘汰的过程中,形成保留下来的结果。”张国捷说,科学研究发现,人类的疾病实际上是伴随着人类特殊的演化过程出现的。

在他看来,人类许多疾病比如衰老、癌症、慢性病等便是如此。

对于自然界多数物种而言,繁殖结束之后,它出现在这个世界上的使命便完成了。在生物演化过程中,基金会拼尽全力去保证整个物种在个体早期发育的正常生存与繁殖。

人类的平均寿命在过去可能也就是三四十岁,随着近现代医疗卫生条件的进步而逐渐提高。到了老年阶段,原来兢兢业业工作的基因缺乏自然选择的约束,就出现了紊乱,在人体内出现随机的变化,这也是人类老年阶段各种各样的疾病产生的可能原因。

“虽然大部分生命演化规律当下无法直接帮助治疗疾病,解决人类社会当下最紧迫的问题。然而,DNA序列在生命演化过程中的某个节点为特定物种的演化过程提供重要的遗传基础。如果不从演化角度思考,我们将很难理解为何我们身上携带如此多的基因和看似无用的DNA序列。对生命演化过程和规律的深入了解,必将加深我们对生物体每个基因、每种功能、每种性状和每种疾病演化历史和形成动因的理解。”张国捷说。

链接

全球蚂蚁基因组联盟与万种鸟类基因组计划

全球蚂蚁基因组联盟计划(The Global Ant Genomics Alliance, GAGA)将构建全球蚁科属级别代表物种的基因组图谱,提供最全面的蚂蚁基因组多样性数据。通过对这些基因组数据的比较分析,科学家们可以理解蚂蚁演化的全球性趋势,并找到当今蚂蚁物种的多样性及其令人惊叹的适应性背后的遗传基础。

他们预期在系统发育框架下从全球范围内选取约200个有代表性

行为生态特征的蚂蚁物种进行基因组分析,将会极大促进蚂蚁(乃至其他物种)生物学的研究,同时为未来数十年学术界回答不同的科学问题提供大量的基础数据。

万种鸟类基因组计划(The Bird 10,000 Genomes, B10K)是一项旨在从所有现存鸟类中生成具有代表性的基因组草图的倡议。由鸟类系统基因组学联盟于2015年6月3日宣布成立,该项目将在未来5年内,收集和整合所有

10500种现存鸟类的基因组、生态、生活史和形态学数据。

这些数据将为鸟类进化、生态学、种群遗传学、神经生物学、发育和保护的研究提供信息,还可以用于研究禽流感等从动物传染给人类的感染性疾病。根据鸟类分类层次,该项目分四个阶段进行:第一阶段收集鸟类的34个目的基因组数据,第二阶段收集240个科,第三阶段收集2250个属,最后一个阶段完成8000种的数据收集。

窥探沙尘暴背后的秘密

记者 林婧 通讯员 柯溢能



杨小平教授(右四)团队在野外考察期间合影

去年春天,我国北方地区频频受到沙尘天气侵袭,其中3月份发生的特大沙尘暴被认为是过去十年来最大的一次。沉睡多年的大规模沙尘暴卷土重来,严重危害人们的生产生活。那么,粉尘的起源在哪里?搬运路径是什么?传输机制又是怎么样?

浙江大学地球科学学院杨小平团队对这次沙尘暴事件的综合研究成果,不久前在国际知名期刊《科学通报》上发表,团队首次从科学角度全面系统阐明了2021年春季我国特大沙尘暴期间的粉尘释放、传输及物质交换过程。

沙尘暴发生的第二天,国际知名科研机构根据卫星影像发文称,本次沙尘暴起源于中国西部的塔克拉玛干沙漠并自西向东传播,扩散到整个东亚地区。但是多年来致力于沙漠系统及其环境效应研究的杨小平团队根据已有的经验,认为这一观点并不准确。

早在沙尘天气来临之前,团队就根据预报提前布局,系统采集粉尘样品。杨小平介绍,他们利用高分辨率的遥感数据、实时气象数据,并结合所获珍贵样品的微量/稀土元素组成、铷-钆(Sr-Nd)同位素比值等数据,对这次沙尘暴事件进行了系统分析。

而随着研究的深入,杨小平团队确认:这次罕见沙尘暴由蒙古国中南部向中国北方边境呈辐射状传播。

为了定量评估不同潜在沙尘暴来源对这次降尘的贡献,浙大研究团队对高度混合、看起来不起眼的粉尘样品开展了铷-钆同位素研究。他们发现大多数样品难以仅用中国境内的源区来解释,远源的蒙古国贡献明显。更令人惊讶的是,逢沙尘暴必被怀疑是“元凶”的库布齐沙漠和毛乌素沙地对本次粉尘几乎没有贡献。

杨小平说:“包括云-气溶胶激光雷达遥感数据分析在内的多角度研究均证实,由于过去几十年来的国家防沙治沙政策,使得毛乌素沙地及库布齐沙漠的粉尘释放得到了有效抑制。”

可以说,曾经以“眼见风来沙旋移,经年不省草生时”为特征的沙漠,旧貌已经部分换上了新颜。杨小平认为沙漠是岩石土壤、气候、水文等多要素相互作用的产物。沙漠、沙尘暴研究不仅是认识气候变化过程与机制的关键切入点,而且能为国家防沙治沙、改善生态环境提供科学支撑。

过去几年,杨小平团队在国家科技基础资源调查专项资助下,建立了比较完备的中国北方沙漠地球化学组成数据库。这就像一个基因库,为粉尘来源研究建立了对照样本。

在采集的众多样品中,有一个来自内蒙古包头市的样品十分特殊。根据数据库比对,他们发现,包头沙尘暴样品的轻稀土元素相比于土地壳富集约3倍,而其它样品地球化学组成均与土地壳相似。包头被称为稀土之都,是我国轻稀土工业中心。通过文献调研,杨小平团队发现包头日常背景粉尘的轻稀土元素含量相比于土地壳富集5-10倍,这表明沙尘暴期间外来源的沙漠粉尘稀释了异常高轻稀土含量的本地粉尘。

“一直以来,沙尘暴追踪研究的一个难点就在于物质高度混合,本地物源的贡献难以被定量评估。”杨小平说,正是因为轻稀土元素富集这一包头特有的现象,团队利用质量守恒原理和自展法抽样技术,计算了包头样品的本地和外部物源贡献,发现本地物源贡献约为26%,而外源贡献可高达74%。

这一发现十分难得。杨小平说,这正是第四纪地质学、自然地理学研究的魅力所在,利用不同证据相互印证,揭示同一个“秘密”。

