

新基因研究表明人类仍在进化



基因,也称为遗传因子,支持着生命的基本构造和性能。直到今天,人类对自身功能基因的数量都是一个估值——2万至2.5万个,且大量基因的功能没有被发现,尤其是在一些非功能基因区(过去称为“垃圾基因”区)中,仍然存在许多未知基因等待人类去发现和开掘。

希腊和爱尔兰的一项研究发现了155个来自独特DNA区域的基因,这些新基因不是按“惯例”从已知基因复制事件中产生的,而是从零开始,这表明,现代人类仍在继续进化。今天,我们来说说基因解密为何困难重重,以及新基因的发现与人类继续进化的关系。

解密人类基因为何难

人类从非洲南方古猿演化而来,这是目前国际科学界的主流认知。南方古猿是人科动物一个已灭绝的属,被认为是从猿到人转变的第一阶段。因此,人类的基因最早溯源应当是南方古猿。

南方古猿有很多分支,如阿法种、非洲种(纤细种)、粗壮种以及鲍氏种。研究人员对这4个种系如何演化、谁与谁有着祖先和子孙的关系、谁又直接演化为现代人,有不同的见解。比较一致的意见是,最早的阿法种经过演化分为两支,一支经过非洲种发展成粗壮种,最后在距今约150万年前绝灭了;另一支则向着现代人类的方向演化,经过能人、直立人,直到现代人。

为了搞清楚人类基因的奥秘,1990年,人类基因组计划正式启动,我国科学家与美国、英国、法国、德国、日本科学家共同参与其中。科学家认为,人类基因组计划可比肩阿波罗计划,是人类科学史上的一个伟大工程,也被誉为生命科学的“登月计划”。

2003年4月14日,人类基因组计划的测序基本完成。当时的计划是,到2005年要把人体内约2.5万个基因的密码全部解开,同时绘制出人类基因的图谱。简单来说,该计划的目标是要揭开组成人体约2.5万个基因的30亿个碱基对的秘密。然而直到现在,这个目标也未能实现。

其实,研究人员在2003年时已经绘制出大约92%的基因组图谱,随后用了近20年时间追踪剩下的8%。这部分基因被称为人类基因组中缺失的“暗物质”,很可能为人类如何演化,或对各种疾病的易感性提供新线索。2022年4月,美国《科学》杂志同时发表了6篇文章,并以封面形式介绍了人类基因组计划的最新成果——“一份更完整的人类基因组图谱”,约100名科学家组成的团队首次完成了对整个人类基因组的完整测序,补齐了遗漏的8%的DNA序列。

然而,对人类基因组的完整测序并不能确定所有的功能基因。比如,人类面对的很多疾病都不是简单的遗传疾病,而是基因、行为、暴露在环境中的组合。也就是说,并不是每个功能基因都会表现出来,它们蜷缩在基因组中,而且一些功能是多基因共同作用的,比如决定人类身高的基因就至少有几十个。有时,确定功能基因还需要通过敲除基因来进行比较和确认,这只能借助于动物研究,因此人类基因组计划的研究进展比较缓慢,与当初预估的情况不太一样。

深度睡眠可能缓解阿尔茨海默病导致的记忆丧失

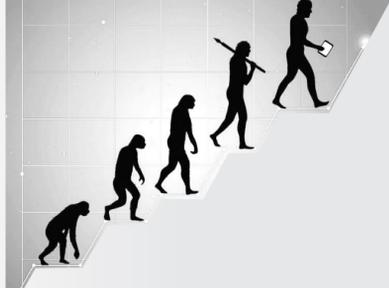
新华社北京5月9日电 美国一项新研究发现,深度睡眠能防止阿尔茨海默病相关蛋白质损害大脑,可能有助缓解病情导致的记忆丧失。

深度睡眠,又称非快速眼动慢波睡眠。此前一些研究显示,深度睡眠对健康成年人的学习和记忆能力有益。阿尔茨海默病病理指标相同的患者,认知能力受损的程度可以相差很大,深度睡眠有可能是大脑对抗损伤的机制之一。美国加利福尼亚大学伯克利分校的研究人员在新一期英国《BMC医学》杂志上发表论文说,他们的新试验为上述理论提供了佐证。

研究人员在论文中说,共62名健康老年人参与了这项研究,他们都没有痴呆症状,但一部分人脑部存在明显的β淀粉样蛋白沉积。这种沉积被认为是阿尔茨海默病的关键因素,会引发脑部一系列异常反应,导致神经元受损。

研究人员监测受试者睡眠过程中的脑波,并在他们睡醒后进行记忆测试。结果发现,对于脑部存在β淀粉样蛋白沉积的受试者,深度睡眠时间较长的人测试成绩更好;如果脑部没有这种蛋白沉积,深度睡眠时间就对成绩没有影响。

教育、运动、社交等途径积累的“认知储备”可帮助大脑对抗损伤,保持认知能力,但对阿尔茨海默病患者来说,大多数认知储备因素很难改变,缺乏干预空间。研究人员认为,深度睡眠是一个相对容易干预的因素,新发现意味着改善睡眠就有可能缓解病情。



“垃圾基因”可能很有用

生物学有一个中心法则,遗传信息一般由脱氧核糖核酸(DNA)转录到核糖核酸(RNA),再由后者翻译产生人体所需要的蛋白质,蛋白质会显示出生物体的一切遗传性状。人类基因组计划表明,人类基因组有3/4的基因能够被转录,但只有约1.5%的基因具有编码蛋白的能力,也就是有2万至2.5万个功能基因。

新基因与演化的关系

在科学家眼中,人类的基因富矿有两类,一种是从零开始的,也就是新演化出的基因。前者证明,人类的基因非常富有,后者证明人类还在演化。

希腊瓦里生物医学科学研究中心和爱尔兰都柏林大学的研究人员几个月前在《细胞报告》杂志上发表论文称,他们发现的155个新基因来自DNA非编码区,即从“小开放阅读框”发现的,这些微基因可以编码产生微小蛋白(微肽),从而参与生命过程、生理功能和疾病发生等。其中一些基因可以追溯到哺乳动物的远古起源,还有一些基因被预测与人类特有的疾病有关。

特别值得一提的是,研究人员在“小开放阅读框”发现了人类独有的与心脏功能有关的新基因——一种增强子RNA(lncRNA)基因,它在小鼠、狗、大鼠或鸡的任何组织中均未检测到直系同源转录。而且,这种基因是在现代人类与黑猩猩谱系分离后出现的。如果在进一步的研究中证明,这种微基因是在最近几百万年内出现的,那么这将成为人类基因不断演化并适应人体的重要证据。

这种与人类心脏发育相关的增强子RNA(lncRNA)基因的明显作用可能涉及先天性心脏病,比较典型的是法洛四联症,主要表现为4种先天性心脏缺陷:心室之间的间隔壁上有一个孔洞、右心室和肺动脉之间的通道变窄、主动脉与心脏的连接移位、右心室肌增厚。当然,如果演

化向好的方面发展,那么人类以后可能通过良好的心脏成形和发育来减少先天性心脏病的种类。

在这155个新基因中,研究人员通过试验还发现有44个基因与生长缺陷有关,证明它们在维持人体健康的生命系统中具有重要性。有3个新基因被发现与人类某些特异性疾病相关,如肌肉营养不良、视网膜色素变性和阿拉善综合征。

其实,包括人在内的大多数高级动物都是由两性生殖细胞结合形成胚胎,并由胚胎发育为成体的。在此过程中,某一基因的变化、在胚胎不同时间的表达都有可能影响物种的发育。对个体而言,可能涉及某一胚胎是否发育正常或有畸形,而对群体来说,无数个个体出现基因突变,哪怕是同一基因产生变化,都可能影响物种的进化方向。现在,研究人员从一些动物的“小开放阅读框”中同样发现了影响演化方向的基因,这说明其他物种也像人类一样在继续演化。

总之,虽然目前在非编码区内自发产生新基因的确切机制尚不清楚,但随着研究的不断深入,未来我们将有可能找到人类基因组中更多的隐藏功能。研究人员指出,无论是原本存在于基因组中但以前没有发现的功能基因,还是人体从零开始新演化出的基因,都证明人类还在通过与环境的交流和适应来改变和维持基因,并持续演化,以适应环境并获得更好的未来。

(据《北京日报》)

宁东基地为企业转型发展插上“数字化翅膀”

本报讯(记者 梁静)5月10日,记者从宁东能源化工基地管委会获悉,今年,该管委会拨付千万元资金对首批5家数字化转型和智能改造试点企业予以奖励。

近年来,宁东基地深入贯彻数字中国战略,大力实施数字赋能计划,坚持把产业数字化作为构建现代化经济体系,实现传统产业转型升级的重要引擎,推动数字经济与实体经济深度融合。以安全环保等工作为抓手,以不断丰富产业数字化应用场景为突破,以宁东工业互联网和数字基础设施建设为重点,赋能传统产业转型升级和高质量发展。

目前,首批企业积极开展生产控制装备智能化改造、数字化基础设施和安全生产管控平台建设,取得了较好成效。宁夏新化化工有限公司采用国内先进自动化、智能化设备,实现企业精细化管理,提高产品质量,降低生产成本,在企业用工人数下降的同时,生产效率大幅提高。宁东科技创业投资有限公司以工业互联网平台为核心,在中试基地搭建了运营指挥中心及工业物联网平台,有效提升了资源使用效率和安全管理水平。宁夏永农生物有限公司加大设备智能化改造投入,建设安全管控平台,提高了公司安全水平。宁夏金维制药有限公司通过自建工业互联网平台,开发建设自动化控制系统,减少现场操作人员数量,提高办公效率和生产效率。宁夏顺邦达新材料有限公司对生产线200余个重要部位的仪器仪表进行智能改造,开发生产智能化运营管理平台,提升了产品稳定性和产品合格率。

新知

老年人经常上网与降低痴呆风险相关



纽约大学一项新的长期研究发现,老年人经常使用互联网与降低老年痴呆风险相关。

老年人认知能力下降是指思维、记忆与注意力集中出现困难,而痴呆症患者的认知能力下降会更严重,已影响到社交或职业活动。在这项长期研究中,研究人员追踪了没有痴呆症的18154名成年人,年龄在50岁至65岁之间,最长期限17年(中位时间为8年左右)。参加者每年接受两次关于认知能力的问卷调查,包括多长时间使用一次互联网,是“定时”还是“非定时”等。

研究人员发现,经常上网与较低痴呆症风险之间有关联,与非经常上网者相比,经常上网者的痴呆风险只有前者的一半左右。研究人员认为,上网的有益性可能是源于人们上网会涉及广泛的活动,如查看新闻、收发邮件、网上购物等。当然,这个“有益”结论只在一定时长内有效,过度上网对认知健康同样有害。患痴呆症的最低风险发生在一天使用互联网6分钟到两个小时之间,而一天使用互联网6至8个小时,则显示患痴呆症的风险最高。

研究人员表示,他们发现的是互联网使用与认知健康之间的关联,并不完全等同于因果关系。也就是说,这不意味着老年人不经常上网就会痴呆,或只要上网就能预防痴呆。(据《北京日报》)

新研究在云层中发现耐药细菌

加拿大拉瓦尔大学等机构一项新研究发现,云层中含有耐药细菌,这些细菌可以随着高空云层长距离传播。

研究人员日前在学术期刊《整体环境科学》上发表论文说,2019年9月至2021年10月间,他们使用高流量真空采样器在法国中部多姆山山顶采集了12组云层样本。

样本分析显示,平均每毫升云水含有约8000个细菌,其中5%至50%可能是活菌或具有潜在活力。这些细菌通常存在于植物表面或土壤中,被风或人类活动带入大气层,其中一些参与云的形成。

研究人员在这些细菌中发现了29种对抗生素有耐药性的基因型。平均而言,每毫升云水含有2.08万份耐药基因。

研究人员认为,云层可能是耐药细菌长距离传播的重要途径,这种传播方式对人类健康的影响需进一步研究。(据《北方新报》)

蝴蝶或一亿年前最先在北美“现身”

许多研究人员认为蝴蝶最早在亚洲进化,但美国科学家主导的一项全球基因分析表明,1亿年前,蝴蝶最早在北美“现身”。最新研究结果可用于生成详细的蝴蝶家谱,有助进一步了解蝴蝶的进化起源,以及它们在全球各地如何传播。相关论文刊载于最新一期《自然·生态学与进化》杂志。

在最新研究中,佛罗里达大学的阿基图·卡瓦哈拉和一个国际研究小组使用28个不同博物馆收藏的标本,收集了来自世界各地的蝴蝶数据。他们分析了近2300种蝴蝶的391个基因。这些蝴蝶来自90个国家,占有已知蝴蝶属的92%。

研究团队使用基因分析来确定蝴蝶家族何时分裂,并确定了第一批蝴蝶最可能的地理起源。他们估计,蝴蝶是在白垩纪早期第一批开花植物繁殖后,从夜蛾进化而来的,大约发生在1亿年前。而且,蝴蝶的首次亮相似乎发生在北美洲。

最新分析显示,这些昆虫从北美洲扩散开来,先进入南美洲,然后向西进入澳大利亚、亚洲和印度,接着拍打着翅膀飞入非洲,大约1700万年前到达欧洲。

研究团队还汇编了31000多份蝴蝶幼虫吃掉的植物记录,重建了这些植物与蝴蝶的进化过程。团队认为,第一批蝴蝶会咀嚼豆科植物,如今,超过三分之二的蝴蝶种类进食同一科植物,约三分之一的蝴蝶以两个或多个不同的植物科为食。他们指出,世界各地有很多蝴蝶正在迅速消失,深入了解它们对某些寄主植物的依赖程度,可为未来的保护工作提供信息。(据科学网)

石楠花臭臭的 为何还大面积种植



2023年4月,安徽合肥临泉路绿化带内的石楠树迎来盛花期。

“五一”小长假期间,如果你选择了外出旅游,想必对景区内竞相绽放的花朵一定印象深刻。与其他花朵颇受欢迎不同,石楠花的盛开却引来不少吐槽。“石楠花又腥又臭为何还大面积种”等话题甚至登上了社交平台热搜榜,“知楠而退”表情包又重现朋友圈,网友吐槽称“为什么世界上有石楠花这种植物”。

北京市园林绿化科学研究院教授级高级工程师张华丽介绍,石楠是一种蔷薇科石楠属的常绿小乔木,其花径只有6毫米至8毫米。每到石楠花开的时候,大家就会闻到一股特殊又奇怪的臭味。这种气味或是由1-吡咯啉或其他几种化合物

的味道组合而成的。

有学者曾将石楠与其他两种具有类似气味的植物放在一起研究,他们发现石楠花朵散发的气味中共含有19种化合物,主要属于含氮挥发物。三种花气味中的共同成分为1-吡咯啉、1-吡啶、2-吡咯烷酮和苯乙胺。

有网友不解,既然石楠花味道如此“不友好”,为何还会被大面积种植呢?

“这主要由于石楠的生态效益显著。”张华丽表示,相比其气味,它的园林绿化功能和净化价值更为重要,这也是闻起来臭的石楠受城市绿化部门青睐的主要原因。

资料显示,石楠四季常青,春季新叶红润,秋季红果簇簇。石楠不仅有降尘和稀释有毒气体的功效,可以吸收粉尘和二氧化硫等有害气体,它还是抗霾“神器”。

张华丽介绍,石楠开花是为了吸引昆虫来传粉,以此达到繁衍的目的。与人类喜好香味不同,有些昆虫喜欢难闻的气味,散发这种味道的花朵更容易吸引这类昆虫来传粉。“比如,世界上最大的花——生长在苏门答腊密林中的大王花,其花的直径在1米以上,花开时气味臭如烂鱼,却能吸引蝇类昆虫为其传粉。”张华丽举例道。

如果下次遇到石楠花,不喜欢它的气味,戴上口罩远远避开就行了。

(据《科技日报》)