

早在达尔文所处时代,猴子、猩猩这样的灵长类动物就被视为人类的“近亲”甚至“先祖”,毕竟单从某些身体特征、日常行为看,它们和人类那么相似。“人类和这些‘近亲’有多少相同与差异?”“‘猿猴祖先’如何进化为人?”等非人灵长类与人类的“血缘”问题,一直是科学家们努力解开的谜团。

近日,美国学术期刊《科学》以研究专刊形式在线发表的8篇论文以及《科学进展》在线发表的2篇论文,阐述了由中国科学院昆明动物研究所(简称昆明动物所)牵头发起的“灵长类基因组计划”所取得的阶段性重大突破,公布了27种灵长类动物基因组数据,让人类离揭示这些谜团的答案又近了一步。

# 27种灵长类基因组公布 揭示人类“近亲”演化之谜

## A | 8篇论文展示丰硕成果

据悉,本次《科学》上8篇论文公布的重突破包括厘清了灵长类动物的系统发育关系;揭示了灵长类动物的基因组多样性特征和演化历史;解析了灵长类动物大脑、体型、骨骼、感官、食性等复杂性状演化的遗传基础;发现了寒冷促进亚洲叶猴复杂社会系统演化的遗传机制;首次发现灵长类动物杂交成种事件;构建了人类疾病基因在非人灵长类基因组中的变异图谱,并推测人类疾病基因突变的潜在功能等。

昆明动物所主导或参与了在《科学》专刊上发表的6篇论文,研究所的研究员吴东东团队、浙江大学教授张国捷和西北大学教授齐晓光团队与国内外其他科学家共同完成了专刊上的旗舰论文《系统基因组学揭示灵长类演化》。

在这篇旗舰论文中,科学家通过大尺度系统基因组学研究,揭示了灵长类基因组演化历史和表型进化遗传机制。包括推断出灵长类祖先出现在白垩纪界限附近;重新认识了灵长类染色体的演化历程;发现灵长类大脑演化的历程中由很多基因和调控区域参与其中;推测出猿类祖先失去尾巴可能与一些特定的基因调控序列突变有关等。



黑叶猴母子。(新华社资料图片)

## 天文学家新发现一颗绕双恒星运转的行星

新华社北京6月14日电 一个国际天文学研究团队报告说,他们新发现了一颗太阳系外行星,围绕由两颗恒星组成的联星系统公转。这种“一仆二主”的环联星运转行星将帮助深入理解行星的诞生和演化。

两颗相互公转的恒星称为联星,这个联星系统位于绘架座方向,离地球约1300光年,主星比太阳略大,伴星质量不到太阳的三分之一。此前人们已经发现它拥有一颗行星,新发现使其成为第二个被证实拥有多颗行星的联星系统。相关论文发表在英国《自然·天文学》杂志上。

来自美国俄亥俄州立大学、英国伯明翰大学等多家机构的人员参与了这项研究。他们利用欧洲南方天文台的光谱观测数据,通过视向速度探测方法发现了这颗新的行星。该行星编号为BEBOP-1c,是一颗大型气态行星,质量约为地球的65倍,它围绕该联星系统运转一周大约需要215个地球日。

该联星系统的另一颗行星也是气态行星,但质量较小,轨道离恒星也较近。根据新研究的推算,该行星质量不超过地球的22倍,比原先认为的更轻。

在迄今观测到的恒星中,像太阳这样的单颗恒星是少数,大多数恒星是成双成对或“三人行”的。根据现有的行星形成理论,天文学家一度认为联星或多星系统中没有行星,但自2011年在“开普勒-16”联星系统中发现行星以来,人们已经总共观测到12个联星系统拥有行星。

视向速度指天体在观测者视线上的运动速度,行星引力会对恒星运动产生扰动,导致恒星视向速度变化,影响其光谱。人们发现的第一颗太阳系外行星就是通过视向速度探测到的。由于联星系统光谱较为复杂,利用该方法寻找它们的行星比针对单颗恒星更困难。

## B | 帮助人类更好地认识自身

“借助基因组分析,从进化生物学的角度研究灵长类有望帮助我们更好地认识自身。”吴东东表示,通过对非人灵长类基因的研究,为人类特殊性状的起源、发育以及疾病医学研究提供重要遗传学材料和候选分子靶标,是这一领域研究的重要意义之一。

而对于这些影响非人灵长类大脑基因的研究,或将揭示部分人类精神疾病的起源及发病机制,为医学界攻克这些疾病提供更多启发、线索和思路。采访中,吴东东解释了其中的原因:“为什么像精神分裂、自闭症这些神经系统的疾病会一直伴随着人类?它们的发病原因是什么?有一种理论认为它们是进化的副产物。在我们人类不断进化的过程,一方面会进化出好的东西,比如我们发达的大脑,但同时也可能出现一些疾病。我们通过研究非人灵长类的基因,推算它们的祖先如何进化为人,看在这个过程中基因发生了哪些改变,就可能反推出这些疾病的起源,对它们的发病机制有新的认识。”

资料显示,当下包括自闭症、抑郁症在内的很多精神疾病在发病机制方面尚存在诸多不明确的地方,这对相关药物的研发和治疗手段的提升都造成了阻碍。

此外,这种对非人灵长类动物深入到基因层次的研究,还有助于医学领域在选择非人灵长类动物模型,即试验动物时能找到最符合人类疾病和特征的个体,“比如我们可以通过分析一种猴子某个疾病基因或者药物代谢的基因,看它们与人的相关基因有多大差异,以此评估这种猴子是不是适合来做该药物的筛选,或该疾病的模型。”

黑猩猩。(新华社资料图片)

## C | 更深入地了解更科学地保护

“通过分析灵长类基因组,找到每个物种生物多样性相关特征,分析其濒危发生的原因,能指导我们更好地制定对非人灵长类动物的保护策略。”吴东东表示,“灵长类基因组计划”不仅仅对人类有益,也同样会惠及这些基因信息的“提供者”。

此外,在本次专刊的另一篇题为《来自233种灵长类动物的全基因组多样性全球目录》的论文中提到,研究团队对来自233种灵长类动物的809个个体基因组的重新测序数据进行了分析,发现跨家族和地理区域的物种内遗传多样性与气候和群居性有关,但与灭绝风险无关。这表明,基因组多样性与世界自然保护联盟划定的灭绝风险类别之间在整体上没有直接关联,物种濒危状态的形成本质上或是由人类活动、栖息地破坏等非遗传因素导致。

本次在《科学》及《科学进展》上发表的丰富成果均基于一个规模宏大、跨学科的科学探索计划——“灵长类基因组计划”,也可以说本次成果是该计划第一阶段的收获。

这项计划始于2018年,由昆明动物所率先提出,中国、美国、德国、英国等多个国家超过50个科研机构及学校院所、100多位科学家共同参与。计划中,科学家们希望用10年时间,分三期完



成地球上已知520多种灵长类动物的基因组测序工作,测定出灵长类每一个物种的DNA序列,绘制灵长类基因组图谱,破译这些人类“近亲”的遗传信息。

值得一提的是,在基因相关的科研工作中,参考基因组的信息就像是研究的基石,若想要利用对重测序的基因进行研究和分析,必须使用参考基因组这一“骨架”进行比对。因此,想在基因层面对灵长类动物进行深入研究,明确更多高质量参考基因组非常关键。

但参考基因组的信息无法简单地通过对动物或动物标本的皮毛进行重测序得到,而需要动物的新鲜血液作为样本。不过,“灵长类基因组计划”联盟的组建,让吴东东看到了该计划能更快完成的希望。他表示,当下联盟的会员会定期开展学术研讨会,提升此计划的知名度和影响力,未来随着越来越多来自全球各地的科学家加入,获取海外样品的难度或会有所下降,而昆明动物所也会一直努力推进该计划。(据《华西都市报》)

# 研究证明 全世界谷子均来自中国



中国农业科学院作物科学研究所进行谷子种质资源规模化挖掘利用等研究的试验田。(中国农业科学院作物科学研究所供图)

6月10日,记者从中国农业科学院获悉,该院作物科学研究所的一篇研究论文8日登上国际期刊《自然·遗传学》杂志。该成果破解谷子高质量基因组“天书”,力证全世界的谷子均来自中国。

“历时10年,我们对谷子及其野生种青狗尾草的1844份核心种质资源进行深入分析,发掘了1084个重要性状相关位点和基因,绘制了谷子首个高质量基因组。”论文通讯作者、中国农业科学院作物科学研究所研究员刁现民告诉记者,基于高覆盖深度测序,研究厘清了谷子野生种、农家品种和现代育成品种的群体结构、分类和衍化关系,阐明了谷子起源及驯化改良的过程;这些群体遗传学证据清楚表明谷子是单起源,即全世界的谷子均来自中国。

谷子是起源于我国的古老作

物,隶属禾本科狗尾草属,至今仍是旱作农业的主栽作物,更是应对气候变化和干旱环境的战略储备作物。其籽粒为小米,营养价值高,深受人们喜爱。

“我国是谷子的起源国,也保存着全世界最多的谷子资源。”中国工程院院士刘旭认为,本研究明确了谷子野生种、农家品种和现代育成品种三类资源的基因组变异本底,介绍了谷子首个高质量基因组,及其演化的可能过程,从遗传学上肯定了谷子单起源中心,即中国起源中心的理论,是利用新技术进行资源研究的典型代表。

为了破解基因组“天书”,研究团队在对谷子野生种、农家品种和现代育成品种等1844份核心种质资源群体结构进行解析的基础上,从头组装了110个谷子和狗尾草高质量基因组,绘制了首个狗尾草属基因组

变异图谱,构建了首个杂粮和碳四(C4)作物高质量基因组。

“《自然·遗传学》发表的谷子图泛基因组研究,是杂粮领域第一个高质量图泛基因组。这一工作不仅是谷子研究的又一次‘里程碑’式工作,也是对‘小作物—大作为’的最好诠释,并将对其他作物研究起重要推动作用。”中国科学院院士李家洋表示。

作物种质资源是优异基因的载体,对种质资源基因组变异的系统性认识和表型性状的精准鉴定有利于其中优异基因的发掘和利用。研究建立了基于谷子图基因组的最优预测模型和全基因组选择育种方法,该方法可加速作物遗传研究并使谷子表型预测精度最高提升12.6%。

中国科学院院士钱前表示,本研究让人们更清晰地看到了基因组结构变异在发掘基因功能上的重要性,为谷子模式植物体系提供了基因组和表型数据基础,全面提升了谷子的育种水平和产量品质潜力,使我国保持了谷子基础研究和育种研究的国际领先地位。

“这些持续选择基因和性状关联位点对谷子重要性状遗传解析及标记辅助育种至关重要。同时,在多作物平行驯化越来越明晰的情况下,相关研究结果也对其他作物重要性状的遗传解析提供了重要参考。”中国工程院院士万建民表示。

据悉,主要承担这项研究的是中国农业科学院作物科学研究所特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队。刁现民、纽约大学基因组学和系统生物学研究中心教授迈克尔·普鲁加南(Michael Purugganan)和中国农业科学院作物科学研究所研究员贾冠清为该论文共同通讯作者。(据《科技日报》)

## 西夏区科技小院 为乡村振兴添动力

本报讯(记者 孙振星)“依托科技小院建设,我们与美贺庄园开展科研创新、成果转化,通过抗寒砧木老藤与优良酿酒品种进行高位嫁接,实现酿酒葡萄免埋土抗寒栽培。”6月12日,银川市西夏区葡萄酒科技小院首席专家、宁夏大学教授王振平介绍,该技术成功申请了发明专利。

2022年,葡萄酒科技小院在美贺庄园成立。宁夏大学康建宏、贾彪等教授带领研究生团队在玉米科技小院农场开展玉米精准栽培管理、自动控制水肥一体化和病虫害监测等方面研究。目前,该科技小院建立玉米生长信息和氮素营养状况监测与诊断研究核心区示范园5个,每年应用示范面积5000亩以上,玉米平均亩节约氮肥17.9%以上,节水13.2%以上,平均亩增产10.2%以上。

“科技小院成立后,研究生们穿上布鞋、戴上草帽,深入田间地头和田村屯农家,将科技融入产业大地,为农民解决种植难题、增加收益。”贾彪说,科技小院已为3批共计10名在读研究生提供了科研条件,让学生们真正把实验室搬进田间地头,把论文写在大地上。

在服务产业的同时,科技小院开展常态化科普技术培训15场,培训人员3000余人,开设科技大讲堂5场,通过邀请农户实地考察、上门面对面交流、开设现场咨询窗口等方式为农民提供点对点、面对面的技术服务,实现了科研与生产零距离对接、专家与农户零距离指导、零门槛服务、零费用培训,培养了一大批乡土人才和新型农民,打造了一支“带不走”的乡村振兴人才队伍。

## 新知

### 百岁老人长寿秘密 肠道细菌和病毒“组合”



丹麦哥本哈根大学科学家对176名健康的日本百岁老人进行了研究,发现他们的长寿秘密源于胃肠道中的细菌和病毒混合物。

研究表明,肠道中特定病毒有益于肠道中的微生物群,从而有益于人体健康。虽然不可能改变人们的遗传基因,但研究人员推测这些微生物群能够改变人们的肠道微生物群落,从而实现健康长寿。

此前研究表明,日本老年人群的肠道细菌生成了全新的分子,它们对致病微生物具有抵抗力。哥本哈根大学科学家约阿希姆·约翰森和同事开发了一种算法,具体描述百岁老人的肠道细菌和病毒微生物结构。之后,他们将该研究结果与18岁至60岁之间的成年人进行比较,结果在百岁老人体内发现了多样性的肠道细菌和病毒微生物,而微生物多样性通常与健康肠道微生物群有关。

约翰森表示,这些研究结果可用于通过培育微生物群来达到病毒和细菌的最佳平衡,从而防止疾病发生,延长人的预期寿命。(据《北京日报》)

### 102.3米! 西藏发现亚洲第一高树



日前,由北京大学牵头的联合调查队在位于雅鲁藏布国家级自然保护区的林芝市波密县通麦镇境内,发现了一棵高达102.3米的西藏柏木,此次发现刷新了按树种排名的世界最高树列表,成为仅次于美国海岸红杉的世界第二高树种,同时也刷新了亚洲纪录,成为目前已知的亚洲第一高树。(据《人民日报》)

### 新研究锁定一种加剧儿童龋齿的细菌

新华社北京6月14日电 美国科研人员发现,在儿童发生龋齿的过程中,一种名为生痰月单胞菌的细菌起着重要作用,能促进其他细菌产生更多腐蚀牙齿的酸性物质。

龋齿的主要致病菌是牙菌斑中的变形链球菌,后者会将饮食中的糖分转化成酸性物质。这项由美国宾夕法尼亚大学等机构参与的新研究显示,在生痰月单胞菌的辅助下,变形链球菌对牙齿的破坏作用会大幅增强。相关论文发表在英国《自然·通讯》杂志上。

变形链球菌产生葡聚糖,与其他细菌分泌物一起将自身包裹在其中,形成牙菌斑。研究人员采集了300名学龄前儿童的牙菌斑样本,这些儿童中约一半人有龋齿症状,分析显示生痰月单胞菌对龋齿严重程度有明显影响。生痰月单胞菌容易被葡聚糖捕获,停留在牙菌斑中,然后迅速增殖形成蜂窝状结构,对变形链球菌起到保护作用,促进酸性物质生成。

对另外116名儿童的牙菌斑样本的分析验证了这一发现。动物实验也表明,同时感染生痰月单胞菌和变形链球菌,比单独感染变形链球菌形成的龋齿要严重得多,而单独感染生痰月单胞菌没有明显后果。研究人员指出,生痰月单胞菌本身不造成龋齿,但与变形链球菌“搭档”会显著加速龋齿的过程,因此利用特定的酶干扰生痰月单胞菌,或者用更有效的刷牙方式清除牙菌斑,都可帮助对抗龋齿。(据《科技日报》)