

换牙还分奇偶数 这种中生代鸟类的牙齿间隔替换

◎ 刘迪

在多姿多彩的自然界中,鸟类是种类最为繁盛的脊椎动物之一。身披羽毛、前肢为翼、骨骼中空而轻盈,它们凭借一身特殊的“装备”自由地翱翔于天空之中。鸟类的喙部被角质喙所覆盖,成为了取食和“梳妆打扮”的好工具。

然而如果古生物学家告诉你,过去的鸟类喙中不仅长有牙齿,而且还会像爬行动物一样进行周期性的换牙你会相信吗?近日,北京自然博物馆和美国洛杉矶自然历史博物馆古鸟类研究团队在国际学术期刊《白垩纪研究》报道了一件发现于中国辽宁省下白垩统九佛堂组(距今1.2亿年前)中的渤海鸟类化石。这件鸽子大小的古鸟类化石不仅提供了丰富的颅骨解剖学信息,研究者还在其上下颌骨的牙齿内部发现了数枚十分罕见的替换齿,这一发现为揭示反鸟类的牙齿替换模式提供了新的化石证据。

高精度扫描和数据重建 “复原”头骨形态

近十几年来,古生物学家在我国东北地区享誉世界的热河生物群中相继发现了大量保存精美的中生代鸟类化石,物种类型涵盖了以热河鸟、孔子鸟等为代表的原始基干鸟类,以及骨骼形态与现代鸟类更加接近的反鸟类和今鸟型类,它们为研究鸟类的起源和演化提供了重

要的古生物学信息。渤海鸟类是热河生物群中物种最为繁盛的一个反鸟类支系,目前已经研究和命名过的渤海鸟类物种包括郭氏渤海鸟、孟氏神七鸟、吉氏齿槽鸟、韩氏周鸟、马氏副渤海鸟和库氏爪爪鸟等6个属种。

梳理远古鸟类的“家谱”是探究鸟类演化关系的首要目标。研究人员通过解剖学观察和特征编码,将这件鸟类化石的形态学信息添加到一个新的特征矩阵后进行了系统发育分析。结果显示,新标本的系统位置包含了在渤海鸟科的框架范围内,表明该件标本属于渤海鸟科成员。

在以往的中生代鸟类研究中,由于受到化石埋藏情况以及保存条件等的限制,古生物学家对部分骨骼的具体形态特征知之甚少。这一次,为对该件化石的解剖学结构进行更为深入的研究,研究人员使用了电子计算机断层扫描(Computed Tomography, CT)和计算机断层成像技术(Computed laminography, CL)分别对标本的头骨、上下颌等身体多个部位进行了高精度扫描和数据重建。CT扫描数据展示了该件渤海鸟类头骨特别是头后枕部区域骨骼形态的详细特征,增进了研究者对于反鸟类头骨演化过程的了解。

渤海鸟类牙齿的替换模式与人类不同

牙齿是一种重要的组织,存在于大多数脊椎动物的身体中,按类型可以分为同型齿和异

对于包括人类在内的多数哺乳动物来说,一生中通常会生长和发育出乳齿与恒齿两套牙齿,这被称为双齿性。而与之不同的是,在大多数两栖类、爬行类动物中,普遍存在多次替换牙齿的现象。

型齿。牙齿的萌出和替换是脊椎动物的一种常见生物学现象,但不同的动物拥有不同的换牙模式。对于包括人类在内的多数哺乳动物来说,一生中通常会生长和发育出乳齿与恒齿两套牙齿,这被称为双齿性。而与之不同的是,在大多数两栖类、爬行类动物中,普遍存在多次替换牙齿的现象。此外,终身换“牙”的鲨鱼其实口中生长的并不是真正的牙齿而是它们的鳞片。

那么不同类群动物的牙齿又是怎样替换的呢?以我们常见的大象为例,它们的臼齿,即我们俗称的板牙从牙床后部萌出后逐渐推动前面的牙齿,犹如一条传送带不断移动,从后方生成新的牙齿。与哺乳动物相反,爬行动物的

牙齿不是统一更换的,而是具有奇数位和偶数位交替替换的牙齿替换模式。对于它们来说,牙齿的更换时间与磨损无关,而替换过程的基本调节机制一直难以理解。

自十九世纪以来,随着始祖鸟化石的发现,人们认识到在原始鸟类的上下颌中还保留了和爬行动物一样的多齿特征,而在现生鸟类中牙齿全部退化,颌骨则被角质喙所覆盖。但由于鸟类化石的稀缺性,古生物学家对原始鸟类牙齿的替换模式一直缺乏详细的认识,迄今为止仅有始祖鸟与黄昏鸟、似黄昏鸟、鱼鸟等一些今鸟型类等少数几种中生代鸟类有过相关研究记录。

此次研究中,研究人员在对渤海鸟类化石的头部进行计算机断层扫描的过程中意外发现了隐藏在其牙齿内部细小的替换齿,表明这只渤海鸟正处于新牙替换旧牙的中间过程。扫描数据显示,保存在渤海鸟类化石上下颌中的替换齿均在奇数位置发育,并且呈现出如同爬行动物般交替顺序的牙齿替换模式。这种在爬行动物和原始鸟类当中广泛存在的牙齿替换模式,暗示一种保守的控制机制调节着牙齿替换节奏。此外,研究者将渤海鸟类与始祖鸟以及三种拥有牙齿的今鸟型类进行了比较,发现它们均展现出相似的牙齿替换模式,表明中生代三种主要的鸟类谱系共享这一特征。

(作者系北京自然博物馆标本部副研究员)

新知

华南周缘火山喷发 或导致二叠纪末生物大灭绝

科技日报讯(记者张晔)2.52亿年前的二叠纪末生物大灭绝,是5亿年来地质历史中最严重的生物大灭绝。11月17日,国际刊物《科学进展》发表中外团队研究成果,表明华南周缘酸性火山大规模喷发导致陆地森林大火蔓延,摧毁了植被系统;火山喷出的气溶胶又让地球忽冷忽热,使多数生物无法适应,最终灭亡。

2.52亿年前,华南还处于热带雨林地区,海陆相生物均非常繁盛,并形成大规模森林和煤层。但在二叠纪末,这一地区环境却遭到重创,导致热带雨林消失、成煤作用停止、土壤系统崩溃、气候快速干旱化,我国四川、云南、贵州等地的陆相二叠系—三叠系界线剖面记录了这一次灾难事件的全过程。

以往的研究认为,这次灭绝由西伯利亚大火成岩省的基性火山喷发导致。然而,西伯利亚大火成岩省所在区域鲜有化石记录这次大灭绝,也没有可以与全球对比的沉积地球化学证据记录这次生物大灭绝。而且,西伯利亚大火成岩省开始于二叠纪末生物大灭绝事件之前约30万年,并一直持续到生物灭绝事件之后约50万年。因此,无论是大灭绝发生的时间还是火山作用持续的时间,都与华南的情况存在不一致。

南京大学沈树忠院士和南京地质古生物研究所张华研究员带领的国内外团队发现,在贵州川地区相关剖面的生物大灭绝层位,铜异常富集,超出正常情况千倍,并伴随汞元素的异常、大规模炭屑沉积、铜同位素和汞同位素的异常波动等。

研究表明,这些高浓度的铜来自华南板块周边特提斯洋中大陆岩浆弧酸性火山喷出的气溶胶中富硫化物液滴的直接沉积。研究小组推算出,华南周缘的酸性火山活动最少释放了超过19亿吨的铜和几十亿吨的二氧化硫,这种喷发通量是现代火山活动二氧化硫年通量的10—200倍。火山富铜矿物和陆地植被燃烧产物炭屑的同时富集保存,反映了大规模的火山喷发导致陆地森林大火盛行,摧毁了陆地植被系统;火山释放的大量富硫气溶胶穿透对流层后滞留于平流层可能导致全球百一千年尺度的“火山冬天”,这种快速降温与随后的快速升温可能比火山作用导致的长期逐渐升温对生物的影响更致命。

结合我国东部地区、昆仑山脉、金沙江流域、澳大利亚东部、南美洲西部等地区二叠纪—三叠纪之交广泛存在的大规模二叠纪—三叠纪之交酸性火山喷发记录,研究人员认为2.52亿年前特提斯洋中和泛大陆周边的大陆岩浆弧酸性火山喷发,可能是2.52亿年前这次最大的生物灭绝事件的主要凶手之一,而西伯利亚大规模基性火山喷发并非二叠纪末生物大灭绝的唯一推手。



视觉中国供图

二维钙钛矿材料 存在极化激子解离特性

科技日报讯(记者郝晓明)受到光照,半导体会产生载流子——电子和空穴,两者因带有相反的电荷在静电吸引力作用下被“捆绑”在一起,形成激子。与自由的电子和空穴相比,激子具有更高的发光效率,因而在发光和显示器件领域具有潜在应用价值。但在太阳能电池等光伏应用中,大量存在的激子不利于正负电荷的分离提取,使太阳能电池效率大幅降低。因此,研究半导体中激子与自由载流子之间相互转化的动态过程,对材料和器件的合理应用具有重要的指导意义。

记者近日从中国科学院大连化学物理研究所获悉,该所研究员金盛焯、田文明等在(准)二维钙钛矿激子解离动力学研究中取得新进展。该团队通过超快时间分辨光谱学技术,首次直接观测到二维钙钛矿中快速的动态激子解离过程,并由此提出论证了由极化子屏蔽效应诱导的激子解离新机制。

作为一类天然的量子阱材料和优质的半导体介质,二维钙钛矿稳态激子结合能相比传统的三维钙钛矿大幅提高,达到数百毫电子伏特,使激子难以在室温下解离。此前的传统观点认为,二维钙钛矿中光生载流子主要以激子的形式存在,在室温下难以解离形成自由载流子,从而推测二维钙钛矿不适用于太阳能电池等光伏器件。然而,近期的一些研究却发现与之相背离的结果。研究团队推测,此前的研究可能因为忽略了光生电荷与晶格之间的相互作用,从而使人们高估了二维钙钛矿的激子结合能。

为了验证推测,该团队通过飞秒超快光谱学技术,首次在室温下直接观测到二维钙钛矿中快速的动态激子解离过程,证明二维钙钛矿中载流子在平衡状态下主要以自由载流子的形式存在。这与此前报道的通过稳态吸收光谱等技术得出的较高激子结合能存在较大差异。为了解释这一反常的物理现象,该团队进一步通过低温光谱学等,提出由激子—极化子形成而诱导的激子解离机理,即激子通过与声子之间强耦合作用形成激子—极化子,由于极化子的屏蔽作用大幅削弱电子—空穴间的库仑作用力,使激发态激子结合能显著降低,从而促进激子的快速解离。此外,还证明了激子解离以及后续的自由载流子非辐射复合过程是限制二维钙钛矿荧光量子效率的主要因素。

该发现揭示了二维钙钛矿材料中可能普遍存在的极化激子解离特性,为二维钙钛矿材料在光伏和光电探测等器件中的应用提供了理论指导。

人体内75%基因是垃圾? “垃圾DNA”吐露人与猩猩差异

◎ 本报记者 吴纯新 通讯员 程毓

提到垃圾,我们的第一反应通常是无用的东西。而在我们的体内,有一些DNA,也被称为“垃圾”。那么,这些被称为“垃圾DNA”的,真的是我们体内无用的东西吗?

近期,一项发表于《细胞·干细胞》的研究发

现,之前被我们忽视的部分DNA,即所谓“垃圾DNA”,导致了人类与黑猩猩之间的差异。

“有一点可以肯定,‘垃圾DNA’绝不是垃圾。”武汉科技大学生物医学研究院教授顾潮江说。

对人类基因的研究存在阶段性,长期以来,有关“垃圾DNA”的研究成果层出不穷,相互之间既有佐证也有背离,而这一过程,也正是我们解开基因奥秘的必由之路。

“垃圾DNA”认知与“技”俱进

“垃圾DNA”一名从英文“Junk DNA”直译而来,最初由日本遗传学家大野乾提出,用来描述基因组中不能编码蛋白质的DNA序列。

顾潮江介绍,根据早期定义,人类基因组中负责编码蛋白的基因数目仅4万个,只占基因组的2%,其他98%均被列为“垃圾DNA”。

伴随科研进步,“垃圾DNA”的定义也在变化。现在其泛指基因组序列中没有编码功能,既不生成RNA也不产生蛋白质的片段。它们在人类基因组中以重复序列形式广泛存在,结构上分为散在重复序列、串联重复序列和片段重复序列,根据重复次数又可以分为中度重复序列和高度重复序列。

不仅“垃圾DNA”的定义在变,我们体内究竟有多少“垃圾DNA”,科学家们也莫衷一是。

2003年,ENCODE(The Encyclopedia of DNA Elements)计划启动,全球400多名科学家参与其中。该计划的目的是在描绘人类基因组图谱基础上,研究各基因的功能信息,建立生物功能性基因目录。研究结果显示,人类基因组中80%的区域具有一定生化功能。

功能已现冰山一角

已经有大量科学家对“垃圾DNA”进行了研究,而这些研究结果不断地表明,“垃圾DNA”绝不是我们体内“无用”的角色,相反,其可能在多方面发挥着重要作用。

顾潮江介绍,一些“垃圾DNA”可被视为基因

的分子开关。“垃圾DNA”中有大量重复DNA

序列,能形成特殊的DNA高级结构,并以此调节附近基因的活性。有美国科学家分析了11个人类基因组中330个源于Alu(高度重复序列)基因组的显子,鉴别出许多令人感兴趣的外显子。Alu是灵长类特异性的反转录转座子,通过它制造外显子可能

有助于形成灵长类的独特属性。“垃圾DNA”可通过合成调节性RNA发挥功能。它们能被转录为小分子RNA,控制蛋白质表达,还能激活或抑制基因的表达,协助非常复杂的细胞分裂、分化等。顾潮江介绍,若将这种方法应用于医学,可使癌症基因沉默,意义重大。还有研究表明,“垃圾DNA”有可能改变基因组组装方式。此前,来自美国北卡罗来纳大学的研究人员发现:一些“垃圾DNA”中的小片段遗传序列告诉基因如何剪接,或可提高、抑制剪接过程,从而改变基因组组装方式。

“垃圾DNA”对人类的影响不仅如此。德国和英国的科学家合作发现,在化疗之后,骨髓中造血干细胞会利用“垃圾DNA”转录产生RNA分子增强活化,产生新鲜细胞,促进血液再生。研究人员还发现,随着个人基因组测序人数迅速增加,近来在解读他们基因组中的突变,尤其是非编码区突变时,在“垃圾DNA”区域中找到了近百个乳腺癌与前列腺癌的潜在“导火索”,这预示“垃圾DNA”可能是潜在癌症病源。还有研究已在霍奇金淋巴瘤内证明了“垃圾DNA”在何种情况下能够保持活性,从而加快肿瘤生长速度。而与上述观点不同,有英国巴斯大学和剑桥大学的研究人员发现,位于基因间的“垃圾DNA”可以转录形成非编码RNA,而这一过程可以阻断细胞癌化。

此外,美国科研人员开发了一种新的生物信息学方法,用于从测序数据中识别和确定从头串

联重复序列突变(简称新生TR突变),并对患有ASD(孤独症谱系障碍)的先证者和未患病手足中的新生TR突变进行全基因组特征分析。发现在ASD先证者中全基因组范围内均存在大量新生TR突变,在胎儿大脑调节区域更为富集,且预计在进化上更具危害性。

“垃圾DNA”还可能影响神经系统。有研究发现,被认为是“垃圾DNA”的反转录转座子LINE-1在精神分裂症患者的大脑中水平很高,且可以修饰与精神分裂症相关的基因的表达情况。因此,研究人员推测其可能是引发精神分裂症的主要原因。同时,将这部分“垃圾DNA”置于引发精神分裂症的遗传因子下研究,研究人员发现在精神分裂症患者中,LINE-1可以插入到与突触功能相关的基因中,使其正常功能被破坏,故可以认为,该“垃圾DNA”或是引发精神分裂症的罪魁祸首。

顾潮江介绍,国外研究团队在发育分子机制研究中,发现在发育期间,来自“垃圾DNA”转录的微RNA在这种细胞与胚层分配过程中发挥着重要作用。悉尼雪梨百年研究所的研究人员通过新一代基因测序技术和复杂的计算机分析技术,揭示特定因子的白细胞如何使用非编码的DNA来调节一系列控制形状和功能的基因的活性。

“垃圾DNA”甚至可能影响我们的外貌。有美国研究人员发现,“垃圾DNA”中有一些序列片段,可以像开关或放大器一样影响脸部基因。眼睛或大或小、鼻子是否挺拔、头颅形状等,可能都与这些被称为增强子的序列片段密不可分。

顾潮江认为,今后我们应继续深度分析“垃圾DNA”在以下10个方向中的功能,即DNA

复制的调控,转录调节,为遗传物质的程序性重

排标记位点,影响染色体的正常折叠和维持,控制染色体与核膜的相互作用,控制RNA加工、编辑和剪接,调制翻译,调节胚胎发育期,DNA修复和对抗疾病。

一篇发表在《美国微生物学与进化》上的论文称,“垃圾DNA”的时代已经结束。与此同时,随着生命科学不断发展,人们也逐渐意识到“垃圾DNA”不是垃圾。“随着技术更新和研究深入,‘垃圾DNA’中会产生越来越多的功能序列。”顾潮江坚定表示。

拨云见雾更多谜团待解

面对“垃圾DNA”还有哪些疑问亟待解答?

顾潮江说,随着后基因组时代到来,测序技术的进步让对“垃圾DNA”的解读从中获益。第二代测序技术极大地提高了测序通量,可以一次性完成从数十万到数百万的DNA分子测序,使得对一个物种的基因组和转录组深度测序变得方便易行,为“垃圾DNA”解读提供了技术支撑。伴随越来越多有功能的“垃圾DNA”被认识和鉴定,实际意义上的“垃圾DNA”将会越来越少。

顾潮江认为,今后我们应继续深度分析“垃圾DNA”在以下10个方向中的功能,即DNA

复制的调控,转录调节,为遗传物质的程序性重排标记位点,影响染色体的正常折叠和维持,控制染色体与核膜的相互作用,控制RNA加工、编辑和剪接,调制翻译,调节胚胎发育期,DNA修复和对抗疾病。

一篇发表在《美国微生物学与进化》上的论文称,“垃圾DNA”的时代已经结束。与此同时,随着生命科学不断发展,人们也逐渐意识到“垃圾DNA”不是垃圾。“随着技术更新和研究深入,‘垃圾DNA’中会产生越来越多的功能序列。”顾潮江坚定表示。