



杨定华绘

化石“再现”2亿年前蝈蝈的叫声

鸣声高达12kHz—16kHz,是动物界最古老的高频声音记录

◎本报记者 张晔

化石让我们得以跨越千万年的时间,一窥远古时期各种动植物的模样以及这些动植物背后的生态环境。

近日,《美国科学院院报》(PNAS)在线发表

了一项中国科学院南京地质古生物研究所的成果,科研人员对全球各大博物馆1000多块中生代昆虫化石进行研究,重建了其鸣声频率的宏观演化历史。研究发现,在2.4亿年前的三叠纪,昆虫可以发出高达12kHz—16kHz的鸣声。该鸣声是整个动物界最古老的高频声音记录之一。

系统重建中生代昆虫的鸣声频率

声音交流作为动物最重要的通讯方式之一,对动物的生存具有非常重要的意义。声音流通常被用于求偶、交配、捕食和躲避天敌等行为中。

直翅目昆虫是现今生物多样性最高的鸣声生物,包括我们常见的蟋蟀、螽斯、蝗虫等。其中螽斯,俗称蝈蝈、纺织娘,可以利用前翅间的相互摩擦发出声音,并依靠前足的听器鼓膜来接收声音信号。螽斯在中生代种群非常繁盛,数量众多,因此是研究动物声学演化的一类理想生物。

中国科学院南京地质古生物研究所的博士研究生许春鹏在该所研究员王博、张海春的指导下,从世界各地的博物馆检视了1000多块直翅目化石标本,并找出了100多块有研究价值的标本。在这些标本的基础上,许春鹏建立了螽斯化石的关键形态特征数据库,并根据生物物理模型,对中生代昆虫的鸣声频率进行了系统重建。

“螽斯可以利用前翅间的相互摩擦发出声

音,位于臀区的前翅分布有小齿结构,用以摩擦发音,因此又称为音齿。”许春鹏介绍,“螽斯有相当于人类嘴巴的发音器,也有相当于人类耳朵的听器。螽斯的听器长在腿上。它的前足有一对鼓膜,可以接收各种声音信号。”

在此之前,科学家已经建立了现生螽斯鸣声频率与音齿的模型。许春鹏通过对比发现,中生代的螽斯化石声音器官的形态特征与现生螽斯基本一致。

通过对南非和哈萨克斯坦的螽斯标本研究发现,早在2.4亿年前三叠纪中期,螽斯就已经可以发出高频率,即12kHz—16kHz的鸣声。这也是整个动物界最古老的高频声音记录。“现生的螽斯的叫声频率大概在1kHz到9kHz之间,而我们人类的听力范围是0.02kHz到20kHz之间。但是事实上,大部分成年人不一定能听到高于14kHz的声音,因此我们对这些高频的声音较难有比较直观的感受。”许春鹏表示。

类群转换或与更强的声学能力有关

中生代时期昆虫非常繁盛,它们就像不知疲倦的“歌唱家”,从清晨唱到夜晚。在此起彼伏的鸣叫声中,它们宣示领地、寻亲访友、求偶繁衍。在那个时期,地球上似乎还没有哪个动物的“歌声”比它们更嘹亮。但是,这样的大嗓门也为螽斯引来了许多麻烦。

许春鹏研究的化石标本主要分为两类,一

类是哈格鸣螽科,另一类是鸣螽科。许春鹏通过统计学分析发现,在早中侏罗世,螽斯类群发生了明显的类群转换现象:原本占据主导地位

的哈格鸣螽科昆虫开始衰落,鸣螽科昆虫开始崛起。

许春鹏认为,哈格鸣螽科昆虫的鸣声频率在4kHz到16kHz之间近乎均匀分布;而鸣螽

早期哺乳动物很有可能对中生代昆虫的演化起到了定向选择作用,推动了哈格鸣螽科昆虫的衰落以及声学通讯能力和飞行能力更强的鸣螽科昆虫的崛起。中生代昆虫高频声音的出现,可能也在一定程度上促进了早期哺乳动物听觉能力的提高。

科昆虫的鸣声频率显示为双峰分布,其鸣声频率主要位于4kHz—8kHz和12kHz—16kHz两个范围内。高频鸣声有利于躲避捕食者的探查,但其传播距离较近;低频鸣声则恰好相反,虽较易被捕食者探查,但却能够传播更远的距离。最终由于上述原因,具有更强的声学能力的鸣螽科取代了哈格鸣螽。

中生代昆虫极高的声音频率多样性表明,在中生代的生态系统中,已经具有明显的

鸣声动物演化带动声学景观复杂化

在现代生态系统中,声学景观堪称纷繁复杂。许春鹏为记者展示了一个视频:在葡萄牙的一处森林,我们可以听到其中的各种声音。在各种声音之中,能辨认出有鸟类、昆虫以及青蛙的叫声等。

“在现代陆地生态系统的声学景观中,热带地区由昆虫和青蛙的叫声占据主导。而在温带地区,鸟类的叫声则显得更为丰富。”许春鹏说,“我们的研究发现,中生代时期的声学景观与现代完全不同。”

中生代时期的声学景观主要由昆虫尤其是螽斯的鸣声占据主导;早侏罗世青蛙和晚侏罗世鸟类的出现带来了新的声音;但一直到白垩纪时期,森林中的声学景观才接近现代。总之,随着各类鸣声动物类群的辐射演化,中生代陆地生态系统的声学景观面貌逐渐复杂化。与其他脊椎动物相比,现生哺乳动物具有更

声学生态位分区现象。“声学生态位的分区就像是我们的收音机一样,不同的频道占据不同的频率,彼此之间互不干扰。”许春鹏说,声学生态位分区的出现,可以极大地降低声学交流时其他声学信号的干扰,提高声学交流的效率。

因此研究人员推测,高效的声音交流能力很可能是中生代早期昆虫辐射演化的驱动因素之一。

高频的听力范围和更灵敏的听觉能力。但是在爬行动物占据主体生态位的中生代,原始的哺乳动物比较弱小。它们多为夜行的小型食虫类,很可能利用声音进行定位猎物和侦查捕食者。而善于鸣叫、体型硕大的昆虫可能为早期哺乳动物提供了理想的食物来源。

中生代昆虫在早中侏罗世发生了一次明显的类群更替,从哈格鸣螽科主导转为鸣螽科主导。通过这次类群更替,中生代昆虫的听觉能力得到了明显提高。这次类群更替在时间上与早期哺乳动物的辐射事件相对应。因此,早期哺乳动物很有可能对中生代昆虫的演化起到了定向选择作用,推动了哈格鸣螽科昆虫的衰落以及声学通讯能力和飞行能力更强的鸣螽科昆虫的崛起。中生代昆虫高频声音的出现,可能也在一定程度上促进了早期哺乳动物听觉能力的提高。

去掉“冗余基因”插入“基因武器”

科研人员开发高效简化方法改造噬菌体

◎赵梓杉 本报记者 刘传书

噬菌体是专门“感染”并杀死细菌的病毒。只要遇到宿主细菌,噬菌体就会钻进其体内并进行大量繁殖。噬菌体能从内部裂解细菌,并释放出成百上千的下一代噬菌体,直至把细菌全部消灭。

近日,中科院深圳先进院马迎飞团队在国际期刊《核酸研究》上发表研究成果,提出了一种高

通量制备“底盘噬菌体”的方法。该研究解决了在高通量删除噬菌体冗余基因方面的三大难题,为噬菌体治疗和噬菌体合成生物学的研究提供了巨大的助力。

改造“杀菌利器”面临三大挑战

面对各种耐药的细菌,常规方法显得束手



无策,而噬菌体则显得游刃有余。那么,能否改进噬菌体这一杀手锏,向其基因组中插入各种能够为其增加“杀伤力”的基因呢?

噬菌体通常具有较小的基因组,其中还有很多的“冗余基因”,导致基因组内没有空余的位置插入“基因武器”。同时,这些“冗余基因”还可能包含一些对人体有害的蛋白。因此,研究团队设想通过某种方法将噬菌体基因组内的“冗余基因”删除,从而得到一个精简、有活性的“底盘噬菌体”,进而获得足够的基因组位置插入功能基因。

要实现这一目标面临三大挑战。一是如何快速地鉴定和删除噬菌体的“冗余基因”;二是怎样在快速地鉴定和删除噬菌体的“冗余基因”的基础上,获得具有更高杀菌效率的突变噬菌体;三是逐个删除噬菌体的“冗余基因”过程繁琐,工作量巨大。

开发迭代噬菌体基因组简化方法

那么,应该如何应对上述的三大挑战,将噬菌体改造成更强大的杀菌利器呢?在许多细菌中,有一种对抗噬菌体的防御系统——

CRISPR-Cas系统。当噬菌体侵染到含有这一系统的细菌时,噬菌体的基因组就会被“切割”。

正是基于CRISPR-Cas系统的原理,研究团队开发了一种自上而下的全基因组简化方法——“基于CRISPR-Cas9的迭代噬菌体基因组简化方法”。

研究团队首先综合利用多种技术,针对测试的噬菌体的不同基因构建了大量的CRISPR-Cas系统。接下来,研究团队将含有针对不同噬菌体基因的CRISPR-Cas系统宿主菌混合在一起,并让这些CRISPR-Cas系统宿主菌被噬菌体侵染。在侵染过程中,噬菌体会随机进入到一个CRISPR-Cas系统宿主菌内,并被该CRISPR-Cas系统宿主菌删除一个基因。如果被该CRISPR-Cas系统宿主菌删除的基因无足轻重,噬菌体就会在该CRISPR-Cas系统宿主菌内继续繁殖,并释放出更多子代噬菌体。这些新生成的子代噬菌体将进入下一个CRISPR-Cas系统宿主菌并被随机删除下一个基因。通过不断重复这一自发进行的过程,不断有更多噬菌体的冗余基因被删除,最终研究团队获得了精简、有活性的“底盘噬菌体”。

新知

研究揭示植物免疫系统监控病毒全新机制

科技日报讯(记者金凤 通讯员许天颖 张臻玮)开发植物的抗病基因是防控病虫害最经济也最有效的手段,但植物是如何识别病原微生物,并在此基础上激活自身免疫系统的,一直是植物病理学领域的核心科学问题。近日,《自然》在线发表的一项研究揭示了植物与病毒间是如何开展抗病“攻防战”的。

在植物细胞的防御体系中,激素信号系统在抵御病毒等病原微生物的侵染中发挥重要作用。激素受体是激素信号启动的关键开关。免疫受体也是植物抗病系统启动的关键开关。南京农业大学植物保护学院教授陶小荣等人在此次研究中发现,当激素受体被攻击,辣椒会迅速启动免疫系统,通过该系统的免疫受体以“瞭望塔”的方式监测敌情,并且进化出一种与激素受体一样的结构,引诱病毒对其发起类似攻击,进而顺利激活免疫通路,歼灭病毒。

“NLR免疫受体是触发植物防御系统的核心开关。”陶小荣表示。在没有病毒的时候,NLR免疫受体这个“开关”处于关闭状态,此时植物的抗病性不启动;当病毒入侵时,NLR免疫受体“开关”就会打开,植物的抗病性就会启动,并引发下游一系列抗病反应。激素介导的抗病是一种基础抗病性,是一种比较弱的抗病性。NLR免疫受体蛋白介导的抗病性则是非常强烈持久的抗病性,可以有效地灭除病原菌,在抗病作物的生产应用上具有广阔的前景。

“这项研究清晰地解析了病毒与作物之间的作用机理和植物抗病的机制,为植物免疫学研究提供了新的思路。”中国工程院院士康振生如是评价。

我科学家发现17个影响脸型的新遗传位点

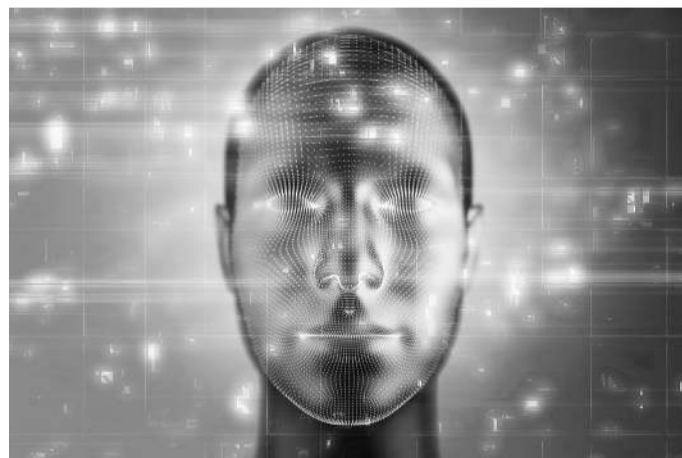
科技日报讯(记者陆成宽)近日,记者从中国科学院北京基因组研究所获悉,该所研究人员研发了一种能够集成分析多个全基因组关联研究的方法C-GWAS,并利用该方法分析了人类78个面部形态表型,发现了17个影响脸型的新遗传位点。相关研究成果发表于《自然·通讯》。

全基因组关联研究(GWAS)是研究人类复杂表型遗传因素的有效方法。目前,科学家已应用GWAS发现了大量的遗传位点。“然而,由于无法同时分析多个表型,标准的GWAS流程不能高效检出具有多效性的遗传位点。”论文通讯作者、中科院北京基因组研究所研究员刘凡表示,“为此,我们研发了一种能够集成分析多个全基因组关联研究的方法C-GWAS。”

人类面部形态代表了一组多维、可遗传且相互关联的复杂表型。研究人员应用C-GWAS分析了78个面部形态表型。结果显示,C-GWAS的遗传位点检出率是传统方法的3倍,发现了17个影响脸型的新遗传位点。

通过进一步的验证分析和功能基因组学分析,研究人员展示了C-GWAS的结果比传统方法获得的结果具有更高的遗传多效性。“这显著提升了脸型的遗传解释度,并且挖掘出来的基因具有更明确的生物发育学功能,表明C-GWAS在解析多维复杂的表型遗传结构中具有很大优势。”刘凡强调。

“从现有结果看,C-GWAS是一种能够对多表型GWAS汇总数据进行集成分析的高效算法,其对遗传多效性高度敏感,并且在复杂场景下有很强的稳定性。”刘凡说,C-GWAS对人类面部形态表型的分析成功发现了一批新遗传位点和功能性基因,加深了人们对脸型遗传结构的理解,未来,C-GWAS将被用于解析更高维复杂表型的遗传结构,为人类表型组间的共享遗传因素网络的描绘提供技术支持。



跨尺度、多维度、一站式人类表型组精密测量平台建成

科技日报讯(记者王春)近日,国际人类表型组研究协作组(IHPC)第四次理事会在线召开。记者从会上获悉,复旦大学领衔的中国科学家团队率先建成全球跨尺度、多维度、一站式人类表型组精密测量平台,可集成测量从宏观到微观多个尺度的人类表型,覆盖从微观到宏观多个不同尺度的表型组测量。

人类表型组精密测量平台覆盖分子表型、细胞表型、功能表型及影像表型四大测量模块,17个表型研究领域。该平台已经建立了一系列国内外领先、具备自主知识产权、标准化的表型测量技术,为制定人类表型组测量标准体系奠定了基础。

据悉,中国科学家团队率先完成了自然人群深度表型组队列,绘制人类表型组导航图,发现了150余万个表型间的强关联。在表型组导航图的指引下,表型组学研究能够获取大量多维度、跨尺度的关联信息,从而指导新型表型调控机制的发掘与验证。

中国科学院院士、复旦大学校长、上海国际人类表型组研究院院长金力表示,人类表型组导航图是大科学计划创新策源功能的最佳体现。表型组导航图中发现和提出的新科学问题,目前科学界已经解释的“不到万分之一”,还有许多问题等待全球科学家们共同努力去进一步揭示和研究。金力表示,复旦大学和上海国际人类表型组研究院相关团队将在数据测量方法更新、数据处理方法升级、算法模型开发等领域持续开展原始创新,实现人类表型组导航图的持续迭代升级。