



图为珠穆朗玛峰。视觉中国供图

第二次青藏科考是第一次科考的延续和深入。生物的分布、形态等都与环境密切相关，因此古生物化石不但是生物演化的重要证据，也是认识地质时期环境与气候变化的重要研究材料。

苏涛

中国科学院西双版纳热带植物园研究员

从化石中窥见青藏高原剧变史

◎本报记者 赵汉斌 杨雪

青藏高原是世界屋脊、亚洲水塔，是地球第三极，是我国重要的生态安全屏障、战略资源储备基地，也是中华民族特色文化的重要保护地。

青藏高原缘何成为生物多样性演化中的重要枢纽？在考古与遗传视角下，青藏高原人群有怎样的起源与演化历史？青藏高原隆升与生物多样性演化有怎样的关系……弄清这些问题，犹如攀登珠峰的步履，每一步都充满艰辛。

不久前进行的2023“巅峰使命”珠峰科考中，中国科学院西双版纳热带植物园研究员苏涛以及中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员尚庆华等人，在喜马拉雅极高山地区相继有了重大发现。

加布拉化石点重露真容

卓奥友峰海拔8201米，是世界第六高峰，位于喜马拉雅山脉中段，其五条山脊常年积雪，四周雪峰林立，层峦叠嶂，十分壮观。

1973年，第一次青藏科考开始。中国科学院植物研究所的徐仁、孔昭宸等老一辈科学家，在卓奥友峰北坡一个叫加布拉的地方，曾报道西藏云杉的球果化石。当时条件有限，没有详细记录，也没有后续调查研究，这个化石点成为古生物学界的一个谜。

加布拉化石点究竟在哪里？新时代的科学家能否接力前贤，有新的突破？

“第二次青藏科考是第一次科考的延续和深入。生物的分布、形态等都与环境密切相关，因此古生物化石不但是生物演化的重要证据，也是认识地质时期环境与气候变化的重要研究材料。”苏涛告诉科技日报记者，珠峰地区具有海陆不同地质时期的化石，是珠峰地区沧海桑田的关键证据。

5月的卓奥友峰下，寒风凛冽，冰雪茫茫。长期以来，冰川运动形成的冰碛物，改变着地表，增加了寻找化石点的难度。到达珠峰北坳的大冰壁附近时，苏涛团队克服极度高寒和缺氧，采集到30余份极高山地区的珍贵样品。在一处海拔5000米的河滩边的陡峭悬崖上，队员们不停地“扫描”着每一寸灰土、每一块岩石。随着搜索面积扩大，柏科、莎草科、水生植物等化石陆续露出来。

“这个地层其实是在水下形成的，可能是三叠纪时期的一个湖泊。湖泊里面的泥沙都非常细腻，所以可以把柏科的枝条甚至是一些动物的精细结构都保存下来。”中国科学院古脊椎动物与古人类研究所副研究员王维分析

说。经过两个多小时的搜寻，队员张鹏杰一锤敲下，一对精美的鱼鳍化石出现在科考队员眼前，无疑是发现云杉针叶之后的又一个重大惊喜——这或是这个地层里的第一件脊椎动物化石。

“第一次青藏科考的前辈曾发现了不少植物化石，比如云杉的球果，我们在这里虽然没有找到球果，但是找到了云杉的针叶，还有其他植物化石。”苏涛说，历经50年，卓奥友峰北坳的加布拉化石点重露真容。科考队员希望通过采集的岩石样品中的锆石，并结合化石证据测定加布拉化石点的绝对地质年代，进一步深入研究。

“复原”青藏高原隆升历史

孢粉学是以植物的孢子和花粉为主要研究对象的一门学科。沉积地层中丰富的孢粉，可为古生物学家和考古学家提供气候、植被等方面的最直观、准确的信息。

在2023“巅峰使命”珠峰科考实施之初，苏涛等人经过一周的高原适应性训练后，从海拔5200米的珠峰大本营出发，沿着东绒布冰川徒步向上攀登至海拔6500米。为节省体力，他们先攀爬到位于海拔6500米的最高采样点，在下山过程中，按照每隔100米为一个海拔梯度进行表土及冰雪样品的孢粉采集。

从2011年第一次踏足青藏高原起，12年间，苏涛踏上这里的土地多达30次，在海拔4500米以上的地区野外工作时间累计超过350天。近年来，苏涛团队的系列研究多次入选中国古生物学年度十大进展。

“孢子主要是一些蕨类、苔藓、真菌等结构比较简单的生物的繁殖器官；花粉则来自裸子植物和被子植物，它们都非常小，但可以从中揭秘植被面貌以及古气候和古海拔等信息。”苏涛说，通过孢粉研究，可以揭示普遍的生态规律，从而推测过去的生态特征。

队员们认真采集封存的样本，带回去后可在光学显微镜、扫描电镜下，显露多姿多彩的形态，为物种鉴定提供依据。研究人员从而确定这些不同海拔的孢粉组合特征。

5月3日至17日，苏涛和科考队员在海拔约4600米的佩枯措第四纪地层开展系统性考察，采集到孢粉和测年样品共计50余份，并在卓奥友峰海拔5000—5200米的地区发现了保存完好的新近纪沉积层，采集到植物化石100余份，孢粉及地化样品200余份。

结合此前已经采集到的2700多个点位的青藏高原现代表土孢粉样品，他们希望组建起青藏高原现代表土孢粉数据库，通过探讨极高山地区孢粉传播与扩散过程模式，进一步从古生物学角度恢复青藏高原的隆升历史。

个该祖先类群的古DNA数据。这些数据对重建该族群的起源扩散历史提供了重要保障。

“结果表明，无论是从古DNA还是从现代人群DNA来看，美洲原住民奠基类群的祖先以及较为古老的支系，主要分布在中国北方沿海地区。”孔庆鹏说，相较而言，西伯利亚地区仅有零星发现。这提示，该类群的起源地可能与其他族群不同，也许是在较为南方的中国北部沿海地区。

此外，研究人员采用分子钟校正的方法，综合古DNA和现代人DNA数据，发现美洲原住民奠基类群的祖先在中国北方沿海地区经历了两次扩散事件：第一次是在末次盛冰期，美洲原住民奠基类群产生，而在约19400年前，末次盛冰期行将结束时，美洲原住民的奠基类群D4h3a与祖先人群分离后，进入美洲；第二次扩散发生在末次盛冰期后的冰消期，这次扩散可能与这个时期气候变暖有关。在这两个时期，由于海平面下降，如今中国北方的浅海当年是相连的陆地，使得两次扩散事件成为可能。

“值得注意的是，第二次扩散还对日本原住民——包括绳文人和阿伊努人

鱼龙化石见证沧海剧变

在2023“巅峰使命”科考中，另一大惊喜来自中国科学院古脊椎动物与古人类研究所青藏科考队发现的喜马拉雅鱼龙化石。

鱼龙类有的长达十余米，是地球历史上最早出现的具有超大型体的脊椎动物，目前人们对其知之甚少。

“了解这种晚三叠世诺利期的大型鱼龙的形态特征，推测其生活习性，如食性、游泳能力等，可以复原当时海洋生产力水平，了解地质时期大型海洋生物生活与环境的关系及其协同进化。”尚庆华说，喜马拉雅鱼龙还是目前已知的最凶猛的超大型海洋生物之一，极具“明星光环”。

20世纪60年代，古生物学家曾在喜马拉雅区域发现了分散保存的鱼龙的局部骨骼，记述比较笼统，没有具体经纬度，地名也有变动，所以科考队员无法确定其具体是产于曲龙共巴组的哪一个层位，只能根据资料来推测化石点的大致区域。

“能再次发现喜马拉雅鱼龙，是每个到青藏高原科考的古脊椎动物的梦想吧！大家交流并汇总各自的发现和经历，直达目标层，在目标层上下分散开，逐层搜索。”尚庆华说，今年初，他们先在聂拉木地区开展工作，后来转到定日地区。在定日南部剖面上的第一块鱼龙骨头，是队员李强发现的，队员吴飞翔在上部层位也有了发现，她自己随后在更上部也发现了鱼龙骨头。

“这次能够发现鱼龙化石，不是说我们运气好，而是前期多次野外踏勘工作的积累，以及多个方向的研究力量联合起来才获得了最终突破。”中国科学院古脊椎动物与古人类研究所所长、研究员邓涛说，在第二次青藏科考的支持下，从2019年起，古脊椎所每年都有不同研究方向的分队到这里科考。

这次科考队员至少在曲龙共巴组中、上部的三个层位上发现了骨骼碎片，三个层位代表三个不同的时间段。“它们肯定属于不同的个体。虽然都是碎的骨头，但一些可以识别出的肋骨和椎体的特征表明，它们无疑属于大型的鱼龙。目前我们暂时将其归入喜马拉雅鱼龙属。”尚庆华说。

接下来，科考队员们将确定这些骨骼材料的类型，准备做切片，开展骨组织学等后续研究，解释鱼龙的生长过程、年龄。

“与鱼龙化石相伴生的大量菊石、双壳等化石，也为了解三叠纪古海洋生态系统提供了更多的信息。”尚庆华说。此外，在剖面上系统采集的岩石样品，将用于开展沉积学和地球化学分析，以了解更多的特提斯喜马拉雅古海洋环境信息。

新知

研究证明全世界谷子均来自中国

科技日报（记者马爱平）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科技日报记者，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质，介绍了三类资源的亚群分类和地理分布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‘小作物一大作为’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泛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精准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。



图为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

反铁磁自旋输理论有新进展

科技日报（记者吴长锋）记者6月12日从中科院合肥物质科学研究院获悉，该院固体所邵定夫研究员及合作者预言反铁磁材料中自旋中性的电流会携带一种特殊的“奈尔自旋流”，并基于此效应提出了高性能全电控反铁磁隧结的理论方案。相关研究成果论文日前发表于《物理评论快报》。

反铁磁材料具有零净磁矩、零杂散磁场、超快磁动力学响应等优点，有望取代铁磁材料，成为高密度、低功耗、高稳定性、超快读写的下一代自旋电子学器件。然而，由于反铁磁序参量很难通过常规方法进行调控和探测，制约了反铁磁自旋电子学器件的信息读写。通过隧道磁阻和自旋转移力矩进行电学读写的反铁磁隧结，是反铁磁自旋电子学理想的器件方案，但由于反铁磁材料只有自旋简并的电子态密度，通常只能支持自旋中性的电流，很难通过传统机制实现用于信息读写的隧道磁阻效应和自旋转移力矩效应。

在前期工作基础上，研究人员进一步发现，如果共线性反铁磁材料中相同子晶格的磁性原子具有较强耦合，就可将这类反铁磁材料近似地看成是由两个反平行的铁磁子晶格构成的“并联电路”。基于这一简单而直观的物理图像，研究人员预言，这类反铁磁材料中相反的铁磁子晶格会分别对流经其内部的电流进行极化，从而在整体呈自旋中性的电流中形成两支隐藏于子晶格内的相反自旋流。这种反铁磁材料中独有的子晶格分辨的自旋流与此前人们熟知的宏观自旋流完全不同，被命名为“奈尔自旋流”。

该工作预言的“奈尔自旋流”是一种反铁磁材料独有的输运性质，可以驱动很多新奇的自旋电子学效应，如反铁磁隧结中的隧道磁阻和自旋转移力矩等。研究人员表示，该工作为超快写入、精确读取的高性能反铁磁隧结提供了一个可行的理论框架，有望推动具有易于调控、大开关比等优点的新一代反铁磁自旋电子学的发展。

末次盛冰期，人类曾从中国向美洲和日本迁徙

◎本报记者 赵汉斌

美洲印第安人从何而来？他们的祖先是谁？

5月24日，科技日报记者从中国科学院昆明动物研究所了解到，该所与国内外多家机构合作，经过十余年的努力，基于线粒体基因组证据证实，末次盛冰期与冰消期的两次扩散事件让美洲原住民的奠基类群从中国北部沿海向美洲和日本迁徙。国际学术期刊《细胞·通讯》发表了相关研究论文。

“美洲印第安人也称美洲原住民，在欧洲移民到达美洲之前，他们的祖先已经在这片大陆上繁衍生息了上万年，这一直是学术界广泛关注的领域。”中国科学院昆明动物研究所副研究员李玉春介绍，以往研究表明，美洲印第安人的祖先主要来自西伯利亚，在26500年至19000年前的末次盛冰期，随着海平面下降，在如今白令海峡区域形成了一条连通欧亚大陆和美洲大陆的桥梁——白令陆桥，他们的祖先通过此陆桥进入美洲。这一结论在单系遗传标记线粒体DNA的研究中得到了呼应，例如美洲印第安人线粒体DNA

奠基类群A2、B2、C1、C4c和D1等，都在西伯利亚找到最近共同祖先。

“不过，少数线粒体DNA类群的起源和扩散至今仍存疑，例如美洲原住民的奠基类群D4h3a。”中国科学院昆明动物研究所研究员孔庆鹏说，在2009年，与该类群遗传关系最近的姐妹类群——美洲原住民的奠基类群D4h3b首次在中国青岛被发现。在随后的十余年中，仅有另外两个个体在泰国人群中被发现，这似乎意味着该类群的起源可能有别于其他类群。

“要系统追溯美洲印第安人奠基类群的起源和扩散历史，获取并分析其祖先类群的数据是关键。”李玉春说，然而，这一祖先类群在亚洲人群中的频率非常低，例如在中国汉族人群中仅为0.5%，这对研究造成了极大的阻碍。

为了解决这一问题，孔庆鹏团队与意大利帕维亚大学、成都二十三魔方生物科技有限公司、上海司法鉴定研究院开展合作。团队经过十余年的搜寻，最终在超过10万份的现代欧亚人群线粒体DNA数据集中，筛选到了216个D4h3a祖先类群的线粒体全基因组数据，其中106个是此次研究新获得的。同时，团队成员还在超过1.5万份古DNA数据“海洋”中，查找到39



结果表明，无论是从古DNA还是从现代人群DNA来看，美洲原住民奠基类群的祖先以及较为古老的支系，主要分布在中国北方沿海地区。

孔庆鹏

中国科学院昆明动物研究所研究员