

古老森林演化曾启动生物大灭绝按钮

□ 冯伟民

近日,国际地质期刊《地质学会》报道,在英国德文郡和萨默塞特郡的北海岸,剑桥大学研究人员发现了地球上最古老的化石森林遗迹。这些树木约有3.9亿年历史,比之前认为最古老的森林——美国纽约州古树林遗迹,还早400万至500万年。

距今约4.19亿至3.59亿年前的泥盆纪,是地球森林开始出现的时代。森林的出现并不断扩散是地球生物圈的重大事件,对大气有氧环境塑造、陆地生态环境重构、推动生物多样性发展极为重要。

英国最新发现的这种森林化石是一种名为芦形木的奇怪树木,树干并不完整,高度在2—4米左右,顶部有浓密的树冠,整体看起来如同一把粉底刷。芦形木颇像今天的棕榈树,但不是棕榈树,与当今地球上的树木种类并无亲缘关系。芦形木树干是中空的,并非实心,也没有叶子。树枝顶部覆盖着数百个树枝状结构,而不是树叶。

在此次发现之前,世界上已知最古老的森林化石是距今约3.85亿年前美国纽约州发现的森林化石,挪威斯瓦尔巴特群岛距今3.8亿年前的远古森林化石。

2019年,在我国安徽省新杭镇附近发现了距今约3.65亿年前泥盆纪树干树根化石,占地至少25公顷,大约相当于47个美式足球场那么大。2020年,在中国新疆塔城地区和布克赛尔蒙古自治县的一片荒漠草原上发现了距今约

3.71亿年前的植物茎干化石。这种枝蕨类植物直径70厘米,分布面积约占80平方公里,主要生长有石松类、古羊齿类和枝蕨类植物,还分布着低矮的灌木和细小草本等。

在英国发现的这种最古老的森林化石,不仅将地球上森林出现时间又向前推进了几百万年,更重要的是,迄今所发现的最古老森林与之后呈现出完全不一样的森林面貌。这种古老森林在种类上非常单一,森林系统的构建尚处于初级阶段,既没有任何下层植被,也没有草本植物。而泥盆纪后来出现的森林,面貌就发生了很大变化,森林生态系统得到改善,呈现出比较完整的多层次森林面貌。我国新疆发现的古老森林,植物丰富度和多样性程度已相当高,既有厘米级别的低矮草本也有乔木状参天大树,既有靠孢子繁殖的多种多样蕨类植物还有依靠种子进行繁殖的最古老裸子植物。

泥盆纪森林的出现改变了水和土地之间的相互作用,因为树木和其他植物可以通过根系帮助稳定沉积物。而且随着它们的生长,这些密集生长的树木脱落了大量树枝和落叶,对塑造河流流经地貌、稳定河岸和海岸线都产生重大影响。泥盆纪是鱼类登上陆地的时代,森林无疑为初来乍到的动物提供了非常好的庇护环境,并在推动两栖动物迅速演化方面起到重要作用。

自从森林出现后,植物光合作用得



图为古老的泥盆纪森林场景复原图。视觉中国供图

到加强,陆地生态环境发生了巨大变化。有研究显示,泥盆纪时期大气氧含量急剧上升,二氧化碳水平明显下降,导致地球变冷。晚泥盆世中晚期发生的生物大灭绝就与此有相当大的关联,森林的出现与扩散,无疑启动了这一幕的最初开关。

泥盆纪古老森林的发现在全球范围内尚为少数,但演化非常迅速,已从原始森林发展为较完整的森林生态系

统,为石炭纪(距今3.59—2.99亿年)森林大发展奠定了基础。森林生态的构建历经从蕨类植物、裸子植物到被子植物几度更替,不仅对陆地生态环境贡献巨大,在地球演变和生物进化过程中始终扮演着重要而关键的角色,而且这一影响迄今仍在发挥重要作用。

(作者系中国科学院南京地质古生物研究所研究员、南京古生物博物馆名誉馆长)

推动基因组编辑研究范式升级

——解读2023年度中国科学十大进展(四)

□ 李帛树 高彩霞

生物体的性状由遗传物质DNA中腺嘌呤(A)、胸腺嘧啶(T)、胞嘧啶(C)和鸟嘌呤(G)四种碱基的排列组合所编码。在细胞分裂过程中,DNA复制不可避免地会产生错误,使得碱基排列组合可能发生改变,从而产生遗传物质变异。基因组编辑技术能够在海量的遗传密码中进行精准搜索,并靶向创制出预期的基因组变异,使人类开始拥有改造和设计生命体的能力。

CRISPR—Cas技术以其靶向、普适、简单、灵活和高效等特性而被快速推广,促进了基因组编辑技术的迅猛发展。但随着对基因组认知逐步深入,人们发现仅通过CRISPR—Cas技术引入突变来破坏基因功能的方式,远无法满足当前遗传操纵需求。目前,千碱基、兆碱基甚至染色体水平等更大尺度的DNA精准操纵,仍然缺乏相应的高效编辑工具。这一难题也是国际基因组编辑领域科学研究的难点和热点。

面对这一问题,中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞团队联合北京齐禾生科生物科技有限公司赵天萌团队(以下简称团队),在基因组编辑方法建立、技术研发和工具应用方面开展了多层次创新。

在碱基编辑技术诞生至今8年时间里,仅有约10种脱氨酶被报道,有限的脱氨酶来源限制了碱基编辑器功能

的多样性,阻碍了碱基编辑技术精准性进一步提升。为此,团队以蛋白质结构与功能的联系为切入点,在国际上首次运用人工智能辅助的大规模蛋白结构预测,建立了高通量蛋白聚类分析新方法,实现了脱氨酶功能结构深入解析与挖掘,在短期内成功挖掘出来自5个全新脱氨酶家族58个新型脱氨酶。

基于新型底盘脱氨酶,团队进一步开发了一系列功能多样的新型碱基编辑工具,突破了医疗领域中常规碱基编辑器过大导致的递送“瓶颈”,并解决了农业领域中大豆难以开展碱基编辑的难题。团队还开发了具有我国完全自主知识产权、在细胞核和细胞器基因组均可实现精准编辑的全新碱基编辑器CyDENT,极大地拓展了碱基编辑的应用范围和潜力。

基因组的大尺度遗传变异,在疾病发生和作物育种等方面发挥着重要作用,然而目前仅能够实现小片段DNA(大约100碱基对)的精准操纵,尚难以完成千碱基甚至更大尺度DNA精准操纵。为解决这一难题,团队结合引导编辑和重组酶系统,开发了首个在植物中能够实现大片段DNA精准定点插入的PrimeRoot技术。借助这项突破技术,团队还快速创制了抗病基因精准插入的抗稻瘟病水稻新种质。

基因上游开放阅读框(uORF)是

真核生物信使核糖核酸(mRNA)中普遍存在的一种调控基因蛋白表达的顺势调控元件,可通过扣留核糖体翻译来抑制下游主效开放阅读框的蛋白表达。

在此基础上,团队继续聚焦uORF,结合植物碱基编辑和引导编辑系统,通过从头设计或者理性延长uORF,创新性地开发了精细下调基因蛋白表达的新方法,并利用新方法精准设计了一系列具有不同抑制能力的uORF,实现了对目的基因表达的梯度下调和作物性状精细调控,创制了叶夹角、株高和分蘖数具有预期梯度变化的系列水稻新种质。该体系的建立有望进一步拓宽基因组编辑技术在育种中的应用,深入挖掘重要基因的应用潜能,推动未来作物精准育种。

通过创新底层元件挖掘方法和开展多系统耦合的新型基因组编辑工具系统化设计,新方法实现了单碱基到超大片段DNA精准操纵这一研究进展,推动了基因组编辑研究范式的升级,催生了一系列具有重要潜在应用价值的基因组编辑新工具,助力构建起产权自主的技术链条,将对未来基因组编辑技术的研究、应用和发展产生深远影响。

(作者李帛树系中国科学院遗传与发育生物学研究所研究生,高彩霞系中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员)

仿生触觉系统 引入红外探测技术

据新华社讯(记者王莹)近日,中国科学院大连化物所催化基础国家重点实验室热电材料与器件研究组姜鹏研究员、陆晓伟副研究员、包信和院士团队,开发了柔性可穿戴长波红外光热电探测器。相关研究成果在国际学术期刊《先进材料》上发表。

仿生触觉是智能机器人感知外部环境刺激的基础。在传统触觉系统中,触觉传感器需要与外部环境物理接触进而获取温度信息,无法在接触前对外部刺激作出预判。

光热电探测器是基于光热转换和热电转换两个基本能量转换过程的一种探测器,可在无需制冷、无需偏置电压、无接触的条件下实现对长波红外辐射的灵敏探测。研究团队在前期光热电探测器相关工作基础上,在具有长波红外吸收能力的柔性聚酰亚胺衬底上构建了碲基热电异质结薄膜,制备出可集成、柔性、可穿戴长波红外光热电探测器。

在非接触式温度感知测试中,当目标温度从零下50摄氏度上升至110摄氏度,所制备柔性光热电探测器的灵敏度优于现有商业热电堆,测温精度可达0.05摄氏度。以此为基础,研究团队利用该红外探测器进一步开发了动态温度预警系统,使得穿戴该探测器的软体机械手可对热源进行预先判定。

该项研究为在仿生触觉系统中引入红外探测技术提供了可行的解决方案,在机器人交互感知、虚拟现实等领域具有重要的应用前景。