

用AFM观察小白鼠心肌核DNA片段的基因体外表达和垃圾DNA的相互作用

Observation of Interaction between Gene *in vitro* Expression of Mouse Cardiac Nuclei and Junk DNA by Atomic Force Microscopy

袁明秀/YUAN Ming-xiu¹, 张志宏/ZHANG Zhi-hong¹, 李建伟/LI Jian-wei²

1. 北京大学生命科学院, 北京 100871

2. 中国科学院化学所, 北京 100080

1. School of Biological Sciences, Peking University, Beijing 100871, China

2. Institute of Chemistry, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China

[摘要] 用AFM直接现场观察、体外表达等实验技术组合,观察到小白鼠(Balb/c)心肌核DNA片段的基因在体外表达过程中形成的n mRNA (n=9)^[1]线型链状复合体,处于垃圾DNA片段的特定的“翻译平台”上,其每种mRNA两端非共价键分别结合自己编码蛋白质(即分子开关),中间的编码序列均非共价结合完全可解离的翻译活性因子等多种蛋白质^[1-2];这些蛋白质可能均由垃圾DNA片段的极复杂的立体结构所形成的、匹配协同的、专一性蛋白质通路所调控,该通路对蛋白质按顺序分别进行特异性双向调控。核内n mRNA线型链状复合体在体外可翻译出LDH等蛋白质,并显示n mRNA翻译的“群体效应”。用AFM还观察到胞质制取的n mRNA (n=12)线型链状复合体(无垃圾DNA存在),体外翻译出少量LDH等蛋白质,并显示n mRNA翻译的“群体效应”。本工作展示了未来运用AFM观察体外表达等生物学反应,研究基因表达与调控机制及其与垃圾DNA相互作用的前景。

[关键词] 垃圾DNA,专一性,蛋白质通路,翻译平台, n mRNA, 链状复合体, 翻译蛋白质, AFM

[中图分类号] Q751, Q752 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1000-7857 (2005) 12-0020-05

Abstract: Combining direct observation and *in vitro* expression experiments on expressive products of mouse (Balb/C) cardiac muscle genome by atomic force microscopy (AFM), n mRNA (n=9) linear chain complexes are located on specific platform associated with junk DNA observed by AFM, two ends of each kind of mRNA noncovalently bind proteins they encode respectively (molecular switch), middle encoding sequences noncovalently bind soluble active protein factors; These proteins may be dually regulated by specific, matched protein pathways of structurally complex junk DNA. Nucleus n mRNA linear chain complexes can *in vitro* translate proteins, such as LDH, and show "population effect" of n mRNA translation. Cytoplasmic n mRNA (n=12) linear chain complex (no junk DNA) were also observed by AFM and *in vitro* translate some LDH proteins, showing population effect of n mRNA translation. This work highlights prospects that AFM can be used for observing biological reaction, such as *in vitro* expression, studying gene expression, regulation and function of junk DNA.

Key Words: junk DNA, specificity, protein pathway, transcription platform, n mRNA, chain complex, translate proteins, AFM

CLC Numbers: Q751, Q752 **Document Code:** A **Article ID:** 1000-7857-2005-12-0020-05

1 引言

原子力显微镜(简称AFM)自1981年由Binnig和Rohrer发明(由此曾获诺贝尔奖)以来,在有机材料及生物材料等微观结构和特性的研究方面得到了广泛的应用。特别是AFM能在自然状态下(空

气或水溶液)观察样品,使AFM在生物大分子结构和功能的研究中显示出独特的优越性^[3]。迄今,国内外学者均用AFM观察蛋白质、DNA片段等的结构^[4]。1995年,在研究真核基因表达与调控机制过程中,我们成功地进行了独特的核DNA片段上

的基因体外表达^[1]和体外转录^[4]等实验,为在国内外首次用AFM观察分子生物学反应奠定了成功的基础。1997年,用AFM观察小白鼠心肌核DNA片段上的基因体外表达样品,国内外首次观察到心肌核DNA片段上的某些活性基因在体外表达

收稿日期: 2005-10-24

作者简介: 袁明秀,女,北京大学朗润园8号楼205室北京大学生命科学院,副教授,研究方向为生物化学、分子生物学;

E-mail: zsykyc@fjzs.edu.cn

过程中形成的 n mRNA ($n=9, 12$ 和 15) 线型链状复合体 (体外转录过程未观察到), 复合体能体外翻译出乳酸脱氢酶同工酶 (简称 LDH)^[11] 等蛋白质分子, 这些结果发表在 2000 年《高技术通讯》期刊上^[12] (中文版)。Peter Cook (英国牛津教授) 2001 年在 Science 发表论文, 用同位素标记法证明了蛋白质合成在核内进行, 但有人反对, 并认为是细胞质 mRNA 污染后合成的蛋白质。我们坚决支持 Peter Cook, 1997 年用 AFM 直接现场观察 (即 AFM 观察结果无假象), 得到了较确定的实验结果, 确定了真核 DNA 片段上的 n 个“基因节” ($n=3, 4$ 和 5) 组合形成 n 个基因系 ($n=3, 4$ 和 5), 每种基因系转录形成对应 n RNA ($n=9, 12$ 和 15 等) 链状复合体, 其 n RNA 链状复合体与“基因系”两边接口相连, n mRNA ($n=9, 12$ 和 15 等) 减少的负反馈效应, n RNA 从“基因系”上解离下来, 在核内, 在垃圾 DNA 的特定的转录后的“平台”上, 经转录后修饰, 形成对应 n mRNA ($n=9, 12$ 和 15 等) 链状复合体, 并处于垃圾 DNA 特定“翻译平台”上, 分别翻译形成对应蛋白质, 其新形成蛋白质 (又称肽链), 在垃圾 DNA 的特定“加工平台”上, 加工修饰形成有活性的蛋白质, 这三者可能有匹配协同连锁制约性。

1997 年, 国内外用 AFM 还首次观察到心肌等组织的胞质的自由态的 n mRNA (n 表示约 12 种等) 线型链状复合体^[1]。该复合体与核 DNA 片段的基因体外表达中所形成的 n mRNA (n 表示 9 种) 链状复合体有某些相同的特性, 如 2 个复合体中的 LDH mRNA 均能体外翻译出 LDH, 但体外表达的 LDH 的量远远大于胞质中的 n mRNA 链状复合体翻译的 LDH 的数量。转录和翻译的分子开关、转录活性因子和翻译活性因子等均由垃圾 DNA 的专一性蛋白质通路分别依次定时、定点和定量双向调控。垃圾 DNA 的“转录平台”和“翻译平台”的作用, 极大地加快了核内基因表达蛋白质的速度; 胞质 n mRNA 链状复合体无垃圾 DNA 的作用, 故 n mRNA 只翻译出极少的如 LDH 等蛋白质。

本研究对基因结构与功能, 利用基因表达的“群体效应”和垃圾 DNA 的相互作用, 提高基因拼接成功率, 胚胎发育、遗传变异、人类和动物进化等领域, 将产生广泛而深远的影响。

2 材料和方法

2.1 材料

实验用动物为健康 6-8 周龄 Balb/c 雌性小白鼠。由中科院遗传所动物饲养中心提供。

仪器为原子力显微镜 Nanoscope III 型 (USA), 中国科学院化学所提供。

2.2 方法

2.2.1 鼠心肌核 DNA 片段和心肌胞质 mRNA 样品的制备

心肌核 DNA 片段 (未除去结合在基因上面的蛋白质), 用心肌细胞核匀浆液 PAGE 电泳分离制备; 心肌胞质 mRNA (未除去结合在它们上面的蛋白质), 用心肌细胞质匀浆液 PAGE 电泳分离制备。阴性对照组将心肌核 DNA 片段和 mRNA 用氯仿脱去结合在它们上面的可解离蛋白质 (含心肌核 DNA 片段样品, 编号为 D_1 , 阴性对照为 D_2 , 含 mRNA 样品编号为 M_1 , 阴性对照为 M_2)

2.2.2 体外表达体系蛋白质的生物合成

将上述 2.2.1 项制成的心肌 (D_1, D_2) 2 种样品, 按下列条件进行体外表达。

1) D_1 120 μ l + 各 30 μ l 0.5 mmol/L 4 种核苷酸 (A, U, C, G) + 10 μ l 10 mg/ml ATP + 10 μ l 0.5 mmol/L NAD⁺。

2) D_2 同 1) (阴性对照组)。

上述两种条件下制备的样品在 18℃ ~ 20℃ 温度条件下反应 12 h 后, 再分别加入 30 μ l 0.5 mmol/L 20 种氨基酸 (终浓度), 各管在 37℃ 水浴锅内保温 4 h 后停止反应, 再进行 2.2.4 和 2.2.5 项生物合成蛋白质的鉴定。

D_1, D_2 浓度大致相同, 约为 60 μ g/ μ l。

2.2.3 体外翻译蛋白质的生物合成

将上述 2.2.1 项制成的心肌 M_1, M_2 (阴性对照) 2 种样品, 按下列条件进行体外翻译。

1) M_1 120 μ l + 30 μ l 0.5 mmol/L 20 种氨基酸 (终浓度) + 10 μ l 10 mg/ml ATP + 10 μ l 0.5 mmol/L NAD⁺。

2) M_2 同 1) (阴性对照组)。

上述两种条件下制备的样品在 18℃ ~ 20℃ 温度条件下反应 12 h 后, 各管在 37℃ 水浴锅内保温 4 h 后停止反应, 再进行 2.2.4 和 2.2.5 项的生物合成蛋白质的鉴定。

M_1, M_2 浓度大致相同, 约为 30 μ g/ μ l。

2.2.4 AFM 观察^[3]

1) 样品制备和成像: 取样约 1 ng/1 μ l 滴于新鲜解理云母表面, 用压缩氮气吹干, 然后用 AFM 成像, 成像在空气中进行, 成像方式为轻敲式 (Tapping mode)。

2) AFM 观察心肌 D_1, D_2 经体外表达 16 h 后所得样品。

3) AFM 观察心肌制备所得样品 M_1, M_2 。

2.2.5 电泳

将上述 2.2.2 项和 2.2.3 项 1) ~ 2) 号样品进行 PAGE 电泳, LDH 酶活性特异性染色鉴定, 方法按文献[6]进行。

3 结果

3.1 用 AFM 观察心肌核 DNA 片段上的基因在体外表达过程中^[1]与垃圾 DNA 片段的相互作用及表达的“群体效应”

3.1.1 心肌的核 DNA 片段样品 AFM 观察

对心肌的核 DNA 片段的样品 AFM 观察, 体外表达 16 h, 由图 1A 可见表达过程中所形成的 n mRNA ($n=9$) 线型链状复合体^[1], 处于垃圾 DNA 片段的最理想的“翻译平台”上。 n mRNA ($n=9$) 的一端处于垃圾 DNA 片段的较大的专一性蛋白质通路中右 (横 380 nm—纵 300 nm), 另一端处于另一较大专一性蛋白质通路中左 (横 150 nm—纵 120 nm), 其 9 种 mRNA 由下向上可能依次分别处于 2×9 个专一性蛋白质通路中, 每种 mRNA 分子的两端的调控序列非共价键特异结合自己的编码蛋白质 (分子开关)^[2]等, 中间的编码序列非共价键结合翻译活性因子^[2]等, 因蛋白质体积较大, 故将核苷酸序列掩盖, 显白色。

由图 1A 还可见非结合态蛋白质的 AFM 图像显示白色圆球形, 有的为 2 个圆球形结合, 分别处于较大的专一性蛋白质通路中, 它们可能为显示功能的蛋白质。

3.1.2 n mRNA ($n=9$) 线型链状复合体中单个 mRNA 分子的 AFM 观察

用 AFM 观察, n mRNA ($n=9$) 线型链状复合体中单个 mRNA 分子, 由图 1B 可见 mRNA 两端结合有可能是蛋白质与核糖体结合的复合体 (有待进一步确定), 中间的编码序列结合有蛋白质 (显白色)。

3.1.3 n mRNA 链状复合体局部放大小片段的 AFM 观察

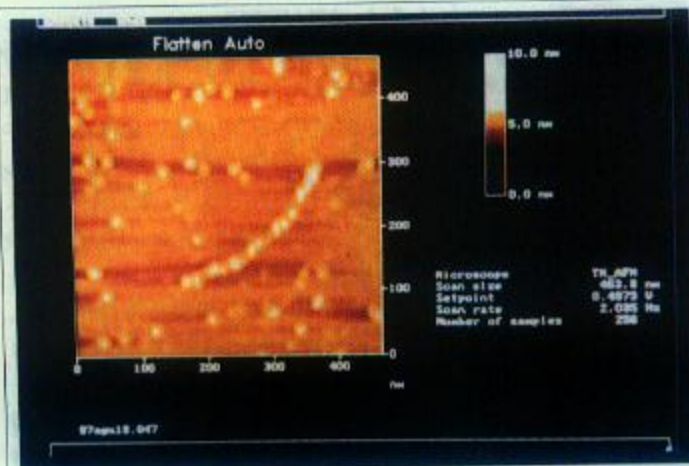


图1A n mRNA链状复合体处于垃圾DNA的“翻译平台”上

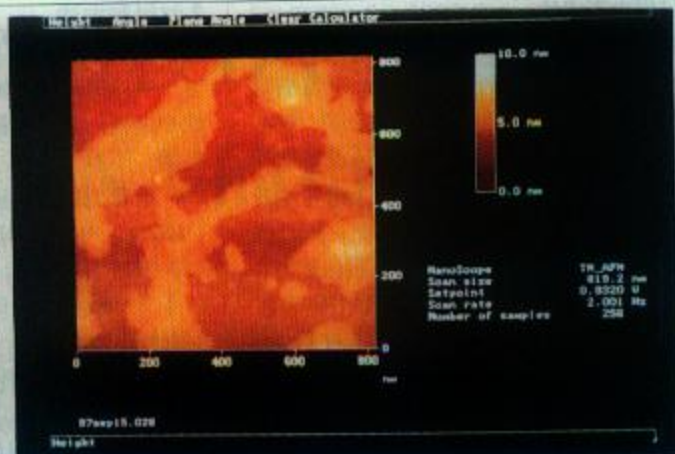


图1C 3个翻译状态mRNA处于垃圾DNA的特定的“翻译平台”上

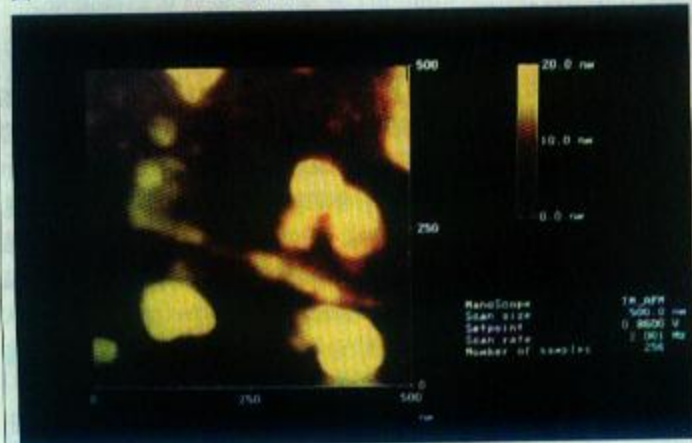


图1B 单个mRNA两端结合有核糖体,中间的编码序列结合特定蛋白质

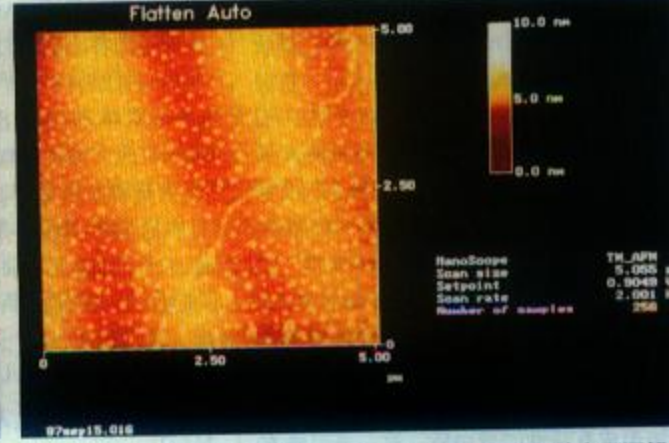


图1D (阴性对照)核DNA片段上的基因的两端仅结合不可解离的“支架蛋白质”

用AFM观察n mRNA链状复合体局部放大片段,由图1C可见3个翻译状态的mRNA处于垃圾DNA的特定“翻译平台”上。

3.1.4 核DNA片段上的基因两端的AFM观察

将核DNA片段样品,用氯仿近似完全脱去核DNA片段上的基因及垃圾DNA片段上处于结合态可解离蛋白质,用AFM观察,由图1D可见核DNA片段上的基因两端的“开关蛋白质”等已解离,各种基因两端仅结合不可解离的支架蛋白质^[2],垃圾DNA片段的特有立体结构及对应专一性蛋白质通路大部分消失(图1D阴性对照)。

3.1.5 核DNA片段上的基因表达过程中的AFM观察

对心肌核DNA片段表达样品,心肌(阴性对照)样品,仅加4种核苷酸(A, U, C和G)、20种氨基酸、ATP等,未加任何与表达相关的酶蛋白等翻译活性因

子,体外能表达出LDH等蛋白质,结果表明:核内n mRNA(n=9)链状复合体,在核内垃圾DNA片段的最理想特定翻译“平台”上,翻译出LDH等蛋白质,翻译量与核DNA片段的数量呈正相关性,并显示核DNA片段上的基因表达的“群体效应”(见图1E a, b),由图1Ec(阴性对照)可见核DNA片段的基因无表达。

3.2 用AFM观察到心肌胞质中n mRNA线型链状复合体及其翻译的“群体效应”

1) 用AFM观察心肌胞质的mRNA样品,由图2A可见nmRNA线型链状复合体^[5](n=12)。细胞质中得到的n mRNA线型链状复合体,未发现垃圾DNA片段。

用氯仿近似完全脱去心肌胞质n mRNA线型链状复合体上可解离蛋白质,用AFM观察,由图2B可见n mRNA线型链状复合体解离成单个mRNA分子(横0.25 mm,纵0.125 mm)或几种mRNA聚合物的混合物(阴性对照)。

2) 对心肌胞质的mRNA样品,仅加

20种氨基酸、ATP等,由图2C a、b可见胞质的nmRNA(n=12),体外能翻译出少量LDH等蛋白质,结果表明:n mRNA线型链状复合体,在未加任何与翻译有关的酶类等活性因子,nmRNA分别能正常翻译,如翻译出少量LDH等蛋白质,显示出翻译的“群体效应”。

3) (阴性对照)心肌胞质n mRNA样品用氯仿近似完全除去可解离蛋白质后,进行体外翻译,由图2Cc可见无体外翻译,结果表明:n mRNA失去分子开关等翻译调控因子,n mRNA均失去翻译活性。

4 结论

本文主要用PAGE电泳法制取心肌核DNA片段和心肌胞质n mRNA线型链状复合体,因心肌核DNA片段,n mRNA和自由态蛋白质电泳泳动度差别大,故可防止三者相互污染。根据实验结果,我们可得出如下几点结论。

4.1 垃圾DNA极大地加快了蛋白质的合成

垃圾DNA在核内的特征性立体结构,明显显示n mRNA (n=9) 线型链状复合体处于垃圾DNA所形成的“翻译平台”上,翻译蛋白质主要在核内进行。

图1A和1B可以证明:n mRNA链状复合体中每种mRNA,均处于垃圾DNA特定的蛋白质通路中。本文作者曾用3种方法证明基因转录的分子开关主要是自己的编码蛋白质与某一种信息小分子特异结合所形成的复合体,如LDH₍₁₋₅₎……nNAD¹⁰⁾, mRNA翻译的分子开关主要是自己的编码的蛋白质,如LDH₍₁₋₅₎。当胞质中如LDH₍₁₋₅₎减少的负反馈效应,则垃圾DNA片段的对应的某一特定蛋白质通路中的LDH₍₁₋₅₎,则通过特定的核孔进入胞质¹⁶⁾,以达到核孔内外特定蛋白质浓

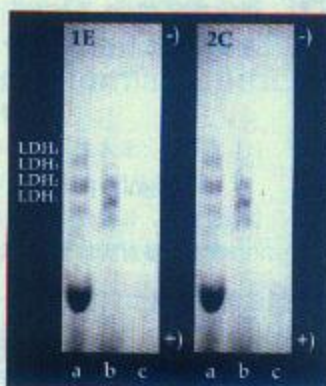


图1E 心肌核DNA片段的基因体外表达样品, PAGE电泳, LDH同功酶活性特异

图2C 心肌胞质n mRNA体外翻译样品, PAGE电泳, LDH同功酶活性特异染

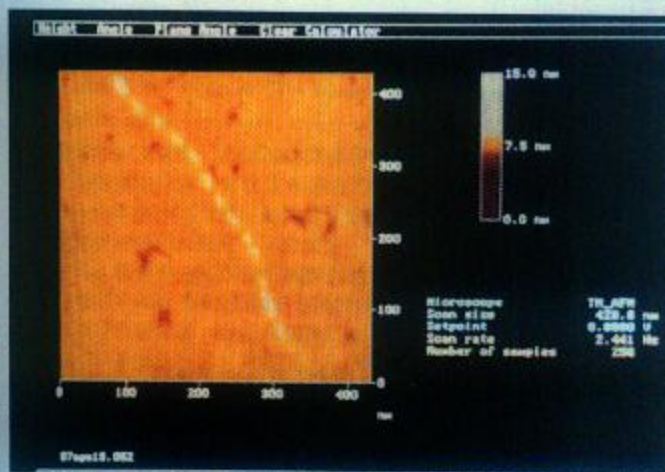


图2A 心肌胞质n mRNA线型链状复合体(无垃圾DNA)

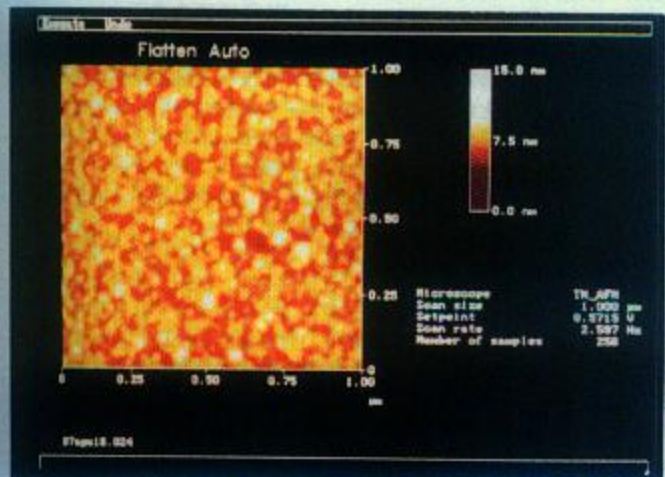
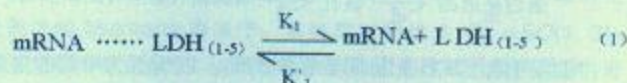


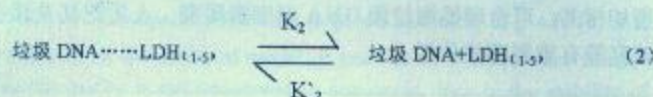
图2B (阴性对照) 单个mRNA或几种mRNA聚合物的混合物

度的动态平衡,同时促使垃圾DNA片段对应的某一特定蛋白质通路中如LDH₍₁₋₅₎减少。其形成负反馈效应,特定蛋白质通路中对应mRNA上结合态LDH₍₁₋₅₎迅速解离,同时启动该mRNA开始翻译;基因转录和对应核内mRNA翻译各具有时空特异性,同时分子开关均主要为自己编码蛋白质,故其二者有匹配协同连锁制约性¹⁶⁾。当新表达的某一蛋白质浓度达到某一特定浓度时,呈正反馈效应,新表达的蛋白质与对应基因两端的调控序列及对应mRNA结合,并关闭对应基因转录和对应核内mRNA翻译。这种表达调控不仅是正负反馈模式¹⁷⁾,同时也是定量调控,如LDH₍₁₋₅₎与自己编码mRNA有结合和解离的可逆动态平衡¹⁷⁾。以LDH₍₁₋₅₎为例,示意动态平衡方程式¹⁶⁾如下:



可逆动态平衡常数K、K'定量双向调控LDH₍₁₋₅₎与mRNA结合或解离的浓度。

垃圾DNA片段的特定蛋白质通路中可能存在与上述(1)式类似的可逆动态平衡,以LDH₍₁₋₅₎为例,其示意动态平衡方程式如下:



(1)式和(2)式共有LDH₍₁₋₅₎,具有匹配协同连锁制约性,K₁、K₂等动态平衡常数可能直接定时、定点和定量双向调控,其对应“开关蛋白质”的“开启”或“关闭”,mRNA翻译或“关闭”mRNA翻译。细胞内外、核孔内外等还有一系列相关的可逆动态平衡,间接影响mRNA在核内翻译蛋白质的极其复杂的生物学过程。

垃圾DNA片段的蛋白质通路的有序性、专一性和mRNA获取翻译相关的蛋白质的便捷性,大大加大了核内n mRNA翻译蛋白质,如LDH等的合成量,并远远大于心肌细胞质的n mRNA线型链状复合体的翻译LDH等蛋白质的量。若是核DNA片段被胞质n mRNA或蛋白质等污染,核内n mRNA不可能合成比胞质的n mRNA翻译的LDH大几倍以上的量。

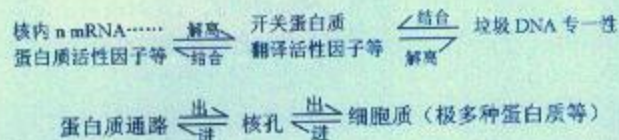
4.2 n mRNA链状复合体的翻译过程与垃圾DNA的相互作用

由图1A可以证明,翻译状态的mRNA中间的编码序列均结合特定的翻译活性因子等¹²⁾,翻译过程完成的mRNA可能中间的编码序列未结合翻译活性因子¹²⁾等,其翻译过程的调控机制可能与其mRNA两端的分子开关相反,呈正反馈效应,中间的编码序列分别特异结合翻译活性因子,并形成翻译的全过程。翻译完成后,呈负反馈效应,其翻译活性因子等全部解离下来¹²⁾。翻译活性因子也可能存在类似分子“开关的蛋白质”的可逆动态平衡体系,其相关多种平衡常数可能定时、定量和定点地双向调控其翻译活性因子的浓度(即垃圾DNA的特定蛋白质通路中的浓度等),促使其翻译活性因子分别与对应的mRNA的中间编码序列和两端的核糖体特异结合或解离,使其mRNA完成翻译或停止翻译。

4.3 n mRNA在核内翻译的蛋白质在核内加工修饰

n mRNA ($n=9, 12$ 和 15)^[4]翻译蛋白质主要在核内进行,由AFM观察到垃圾DNA片段专一性蛋白质通路中自由态蛋白质均为圆球形,可以合理推测新合成的蛋白质已在核内现场加工成具有活性的蛋白质。这是历史性的突破,否定了翻译蛋白质只有在胞质中进行和加工修饰的观点。我们认为,胞质中有少量n mRNA线性键状复合体 ($n=12$)^[1],其作用可能是应急需要,如缺氧等应激反应,可以快速度翻译蛋白质(有待进一步实验确定)。

垃圾DNA与n mRNA翻译的相互作用可示意表示为:



它们可能形成匹配协同连锁制约的、以组织为单位的生理代谢系统。

4.4 垃圾DNA是人类生命活动的基石

1) 垃圾DNA极其复杂和巨大的立体结构可能对形成特定的核空间有支撑和稳定作用。

2) 垃圾DNA对核DNA片段上的基因在核内表达蛋白质有重要的双向调控作用,细胞周期、记忆和其长期储存等与蛋白质合成密切相关,可合理推测垃圾DNA对细胞周期、人类记忆及其长期储存等有重要调控作用。

(致谢:感谢中国科学院化学研究所白春礼院士及实验室有关同事给予的技术支持,以及无偿提供使用AFM仪器并支援操作人员给李建伟博士(现在美国哈佛大学任教);感谢徐建在北京大学学习期间(现在美国华盛顿大学任教)参与体外表达和mRNA翻译的方法学研究。)

参考文献 (References)

- [1] 袁明秀, 张志宏, 等. AFM观察小白鼠心肌核DNA片段的基因体外表达[J]. 高技术通讯, 2000, 10(120): 1-4.
- [2] 袁明秀, 任重, 等. AFM观察小白鼠心肌核DNA片段的基因转录调控和蛋白质相互作用[J]. 高技术通讯, 2003, 13(148): 34-38.
- [3] 李建伟, 田芳, 等. λ DNA Hind III 经酸变性-复性形成变异形态[J]. 生物物理学报, 1997, 13(3): 351-358.
- [4] 袁明秀, 黄杰峰, 等. AFM观察小白鼠心肌核DNA片段的基因体外转录[J]. 高技术通讯, 2001, 11(130): 1-6.
- [5] 李建伟, 余瑞元, 等. 生物化学实验原理和方法[M]. 北京: 北京大学出版社, 1994: 354-357.
- [6] 袁明秀, 侯仲刚, 等. 小白鼠心肌核DNA片段的基因体外表达的分子开关的研究[J]. 高技术通讯, 2001, 11(121): 7-13.

(责任编辑 王芷)

封面文字说明:

“金星快车”启程前往金星探秘



11月9日,欧洲空间局的“金星快车”探测器从位于哈萨克斯坦的拜科努尔发射场由俄罗斯“联盟号”运载火箭搭载升空,开始了它探索金星的旅程。这是欧洲空间

局第一项探索金星的任务,也是11年来人类再次向金星发射探测器。

金星是距离地球最近的大行星,轨道位于地球轨道以内。天文学家把金星称为地球的姊妹星,是因为从直径、质量、密度和体积的角度来看,它与地球十分相似。但相似之处仅仅到此为止,金星与地球有着非常大的不同,其中很多现象的成因仍然是谜团。

在地球上,我们说“太阳从西边出来了”意指某件事的发生很反常,但如果在金星上,太阳从西边升起则是理所当然的事情,因为金星的自转方向和地球以及太阳系中其它大行星的自转方向是相反的。金星为何会如此特立独行,这仍然是一个有待解释的问题。

当然,如果一个观察者真的站在金星表面,那么他可能是看不到太阳的,因为金星拥

有非常浓密的大气,遮天蔽日。在浓密的大气之下,金星表面的气压高达地球标准大气压的90倍。金星大气的物理性质和化学组成便是“金星快车”将要探测的最主要内容。金星大气的整体特征是怎样的?大气如何流动?在不同的高度上,大气的化学成分如何变化?大气与金星表面发生怎样的相互作用?高层大气与太阳风发生怎样的相互作用?这些都是“金星快车”致力于解答的问题。

此外,金星还是一个温室效应非常强烈的行星,它的内部就好像是一个烤箱,表面平均温度高达465℃。金星是如何走上这样一条温度失控之路的?科学家希望“金星快车”的此番探测,将能给地球上全球变暖的环境问题有所启示。

金星还有一个让科学家们感到困惑的特征,就是它的表面显得很年轻。金星是在大约50亿年前与地球在同一时期形成的,但金星的表面仅仅只有5亿年的历史。科学家认为,这可能表明金星上的火山活动与地球上的非常不同。在地球上,火山零星地爆发,慢慢把地球内部的能量释放出来;而在金星上,可能存在全球性的集中爆发,爆发出来的物质覆盖了金星原先的表面,使得现在的金星拥有一个异常年轻的表面。

数月之后,“金星快车”将环绕金星飞行,对它进行至少500 d的科学考察。这500个地球日仅仅相当于金星上的两天时间——金星自转一周需要将近250个地球日。金星自转如此缓慢的原因也尚不明。相比之下,金星上的风暴可能会在短短4个地球日的时间里席卷全

球!科学家们还发现,金星大气中有某种未知的东西在吸收紫外线。有科学家相信,这可能是以酸为食的微生物在进行某种光合作用!

“金星快车”从概念阶段到发射升空,是欧洲空间局耗时最短的一个项目,只用了不到4年的时间。“金星快车”从许多项目申请中脱颖而出,它能够更好地利用欧洲空间局“火星快车”和“罗塞塔号”行星探测器已有的设备。

从外形上看,“金星快车”的确酷似“火星快车”,在设备上,“金星快车”携带的7部设备中有3部沿用了“火星快车”的设备,3部沿用了“罗塞塔号”的设备,只有1部设备是新的装备。当然,设计过程中在二者基础上的改造也是必要的,一是因为设备上有调整,二是因为金星的环境与火星的有很大不同。与火星相比,金星所接收到的阳光带来的热量要多得多,金星与地球、太阳相对位置的变化也与火星不同,金星还比火星大得多,对探测器的引力也要大很多,这些都要求“金星快车”在设计上必须有所调整。

如果一切顺利,“金星快车”将在2006年4月11日抵达金星。经过一系列的轨道机动之后,它将在这一年的5月7日完全进入正常的探测轨道,对金星的大气层、云和表面展开探测。本期封面图片是“金星快车”在轨探测金星的艺术表现图,由新华社提供;右下角4幅小图分别表现了“金星快车”发射升空、上级火箭点火、进入金星轨道以及金星表面的总体情况。

(本刊记者 黄永明)