

文/杨书卷

基因“诉说”进化的秘密

生物通过“增加基因”而增加复杂性向前进化,这一现代进化论的观点已深入人心。然而,美国田纳西大学的微生物教授 **Eric Zienze** 却发现,某些物种会通过“丢弃基因”并依靠其他物种而得以生存,而此假说可能会对进化论做出修改。

把自己进化的越来越简单?这一超出常规的新理论是 **Zienze** 和他的团队在对原绿球菌进行研究后偶然发现的。原绿球菌是海洋微生物中一种最常见的光合细菌,但是令人疑惑的是,把这种普普通通的细菌放在培养环境中却十分难以生长。经过深入研究后才得知,原绿球菌对环境中的活性氧十分敏感,自己却束手无策。而要依赖于其他细菌分解这种对它说来有毒的物质才行,所以,离开微生物群,原绿球菌是不可能“单独”生存下去的。

但研究表明,以前原绿球菌却具有分解活性氧的能力,不过在进化过程中,主动将这一能力“丢弃”了。原来,分解活性氧需要细菌消耗大量的精力,不利于自身繁殖,所以

“聪明”的原绿球菌就“想”出了这个从周围其他微生物的艰辛工作中获益的方法。

通常来说,进化的假设是生物会增添基因从“简单”变得“复杂”,但 **Zienze** 通过微生物基因组的分析中认识到,某些微生物的进化趋势是从“复杂”到“简单”,同其祖辈相比,基因出现“净损失”现象。换句话说,有些微生物在与其他微生物共存的环境中,会出现导致“失去”的进化,这与人们普遍认同的生物通过添加基因而进化的进化论背道而驰。

目前,新的假说仅局限于微生物群,但 **Zienze** 认为它可能会扩展到更多的生物领域,因为我们可以据此推测,一个增加了生物复杂度的无用变异,也许就可能因耗费资源而被淘汰。同时,**Zienze** 的工作也诠释了生物多样性的重要性,因为微生物群正在向相互间更加依赖的方向发展,如果失去了某种微生物,其结果可能是给整个微生物群带来灾难。看来,人类还远远未能认知各种可能存在的进化机

制之谜(4月6日《科技日报》)。

要快速破解基因组成的密码,让基因告诉我们更多的生命故事,庞大数据的分析研究功不可没。美国密苏里大学计算机科学助理教授 **Terry Culkin** 与加州大学研究人员一起,利用开创性的计算机算法,寻找到不同种类植物的相同 DNA 序列,解决了一项重要的生物难题。

此前的研究发现,不同种类动物 DNA 中存在着相同的遗传密码长符,但是,计算机程序从未有能力寻找植物 DNA 中相同的序列,因为相同的 DNA 序列存在于多种植物基因组内完全不同的位置,这大大增加了计算的难度,而 **Culkin** 的算法则巧妙地突破了这一藩篱。

在研究中,**Culkin** 对拟南芥、大豆、大米、杨木、高粱和葡萄这 6 种植物的基因组进行了比较,同时还比较了犬、鸡、人、

技日报》)。

近日,科学家在基因领域还有一项极具醒目的突破:携带生命遗传密码的重要载体 DNA,也能被人工合成的物质替代了。

这种人工合成的物质被命名为 XNA。众所周知,DNA 拥有双螺旋结构,就像衣服上的拉链,由两个链条组成,链齿则是一些碱基。而 XNA 所用的“链齿”也是碱基,和 DNA 一样也能存储遗传信息,在许多关键功能上可替代 DNA。

有意思的是,XNA 链条和 DNA 链条之间还可互相结合,实现遗传信息的传递。在实验中,研究人员将一个 DNA 链条上的遗传信息传递到 XNA 上,随后再传回另一个 DNA 链条,遗传信息传递的准确度高达 95% 以上。更有甚者,如果满足一些前提条件,部分 XNA 聚合物在试管

中还能如 DNA 一样,进化成不同形态!

“XNA 已拥有 DNA 的两个关键功能——遗传和进化,由于人造的 XNA 在

分子构成上与 DNA 并不完全相同,这说明 DNA 不一定是携带生命遗传密码的唯一载体。”研究者之一、英国医学研究委员会分子生物学实验室的 **Philip Huolige** 郑重表示。

这对生命进化起源的研究具有深刻的意义——虽然地球上的生物都采用了 DNA 来携带遗传信息,但在宇宙中其他地方,也许存在遗传方式不相同的生命形式。另外,这也是在“人造生命”道路上迈出的重要一步,虽然,人类要使用 XNA 来人工编制遗传信息并创造一种新生命应该还有很长的路要走。

自从发现 DNA 的双螺旋结构,人们才真正认知基因的本质,打开了破译生命密码之门。至此之后,基因就开始“源源不断”地诉说着生命的秘密,但是,生命的复杂度还是远远超出我们的想象,它的进化历程究竟还有多少不可思议之处呢?人类了解自身的渴望从未像现在这样表现得如此强烈,也如此自信。■

生命的复杂度远远超出我们的想象,它的进化历程究竟还有多少不可思议之处呢?人类了解自身的渴望从未像现在这样表现得如此强烈,也如此自信。

家鼠、猕猴和田鼠这 6 种动物的基因组。为完成所有的基因序列对比,其计算量令人咋舌:48 台计算机处理器,以每小时 100 万条检索的速度工作了 4 周,检索总量约为 320 亿条。

结果还是非常令人欣喜。科学家找到了不同植物之间相同的序列,同时也发现植物序列进化存在着不同。例如,面对相同的环境挑战,不同植物解决问题的基因组密码却不相同,这点与同为复杂多细胞生物的动物类似。

除了解开了有关植物的某些进化之谜,更有意义的是,这套分析遗传密码的计算机程序本身还能帮助开发新药物,因为如果一种致病源没有开发出有效的药物治疗,但它和另一种拥有有效药物的致病源有着某种相同的基因序列模式,就可以用现有的药物或药物的改进品种进行治疗。鉴于计算技术对基因分析的重要性与日俱增,对基因组的庞大数据分析已成为美国国家优先发展项目(4月11日《科