

了2处值得关注的变异。第1处 AMBN-A253G 此前从未在其他古人类、现代人或灵长类样本中发现,却同时出现在周口店、和县和孙家洞的6件样本中。这意味着,尽管这些化石在形态上存在差异,它们可能共享某种东亚中更新世直立人的分子特征,同属一个独立演化人群。

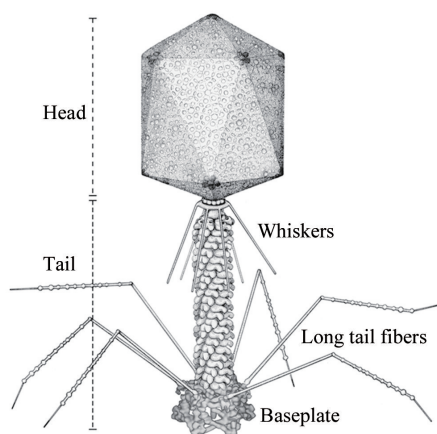
第2处 AMBN-M273V 则把故事引向更复杂的人类演化网络。过去,这一变异被认为丹尼索瓦人专属;本次研究发现,约40万年前的东亚直立人样本同样携带该变异。研究团队据此提出,一些与东亚直立人相关的古老人群,可能曾与丹尼索瓦人发生基因交流;随后,通过丹尼索瓦人间接渗入如今东亚、东南亚、大洋洲部分现代人群基因库。这也证实东亚直立人并非演化史上的孤立群体,而是现代人类古老基因的重要源头之一。

(综合:《Nature》《中国科学报》)

生命为何总能“按剧本走”

不同尺度上的生物过程如此精密和重复,表现得像是经过排练一样:基因组按照模板逐个碱基复制,长度可达约 10^6 个碱基;核糖体由数10种组分逐步装配而成;胚胎发育在细胞分裂与分化中保持相对稳定。

问题在于,分子运动本身充满随机性,为什么这些过程仍能高度可重复?传统解释通常强调分子机器的精细纠错。例如,错配修复酶能够识别新复制DNA中特定的碱基错配;适应性免疫



噬菌体T4的组装可以拆分为3个互不干扰的独立分支:头部流水线、尾部流水线和尾丝流水线
(图片来源:《PANS》)

系统能够产生与特定分子靶标结合的受体。

然而,如果要将这种策略推广到所有表现出有序轨迹的生物过程,就会遇到一个高维识别难题。可能出现的偏离状态空间极其庞大,校正机器必须在每一步区分正确状态和错误状态。以分子伴侣为例(一类帮助其他蛋白质正确折叠、装配、转运或避免错误聚集的蛋白质),一个简单的模型可能要求它们识别由各种突变导致的所有错误折叠形式,这将构成一个极其庞大的分子识别问题。

芝加哥大学 Riccardo Rava-sio、Jack W. Szostak 等团队提出了一种更“粗粒度”的解释:生物系统未必总要识别每一种具体错误,只需像设置一个“时钟”一样,把超时、卡顿或未达标的过程清除并重新开始,也能筛选出更有序、更可重复的行为轨迹。2026年5月13日,相关研究成果发表于arXiv预印本平台。

研究团队将这一机制称为“conditioning”,可理解为“条件筛

选”:失败的尝试不会留下物理记录,只有满足某个粗略条件的过程被保留下来。以生物复制或组装为例,如果某条路径因为走错顺序而变慢,在时间阈值内无法完成,就被系统“抹掉重来”,例如停滞的核糖体装配体会被拆解,组分被重新利用;久而久之,能够留下记录的,多是那些更快、更顺畅、更接近标准顺序的路径。换

言之,秩序并不一定来自对每一步的微观操控,也可能来自对失败路径的不断淘汰。

不过,简单重置也有代价。对于复杂过程,如果每次失败都从头开始,系统会浪费大量已完成的工作。研究团队进一步提出“保存点”(save points)机制:当系统完成某些经过验证的中间阶段后,即使后续步骤失败,也不必全部归零,而是从已保存的中间状态继续。生物系统中也存在类似安排,例如病毒头部和尾部可分别组装后再结合,核糖体生成会经过相对稳定的前体状态,核孔复合体也可由预先形成的亚复合物构建。这样的“保存点”降低了重置成本,使条件筛选有可能扩展到更复杂的多步骤生命过程。

对于生命起源研究而言,该研究具有启发意义:在复杂分子识别机器出现之前,早期复制系统或许只需具备某种重启机制,就能在随机探索中积累出更可重复的功能路径。

(来源:arXiv预印本平台)