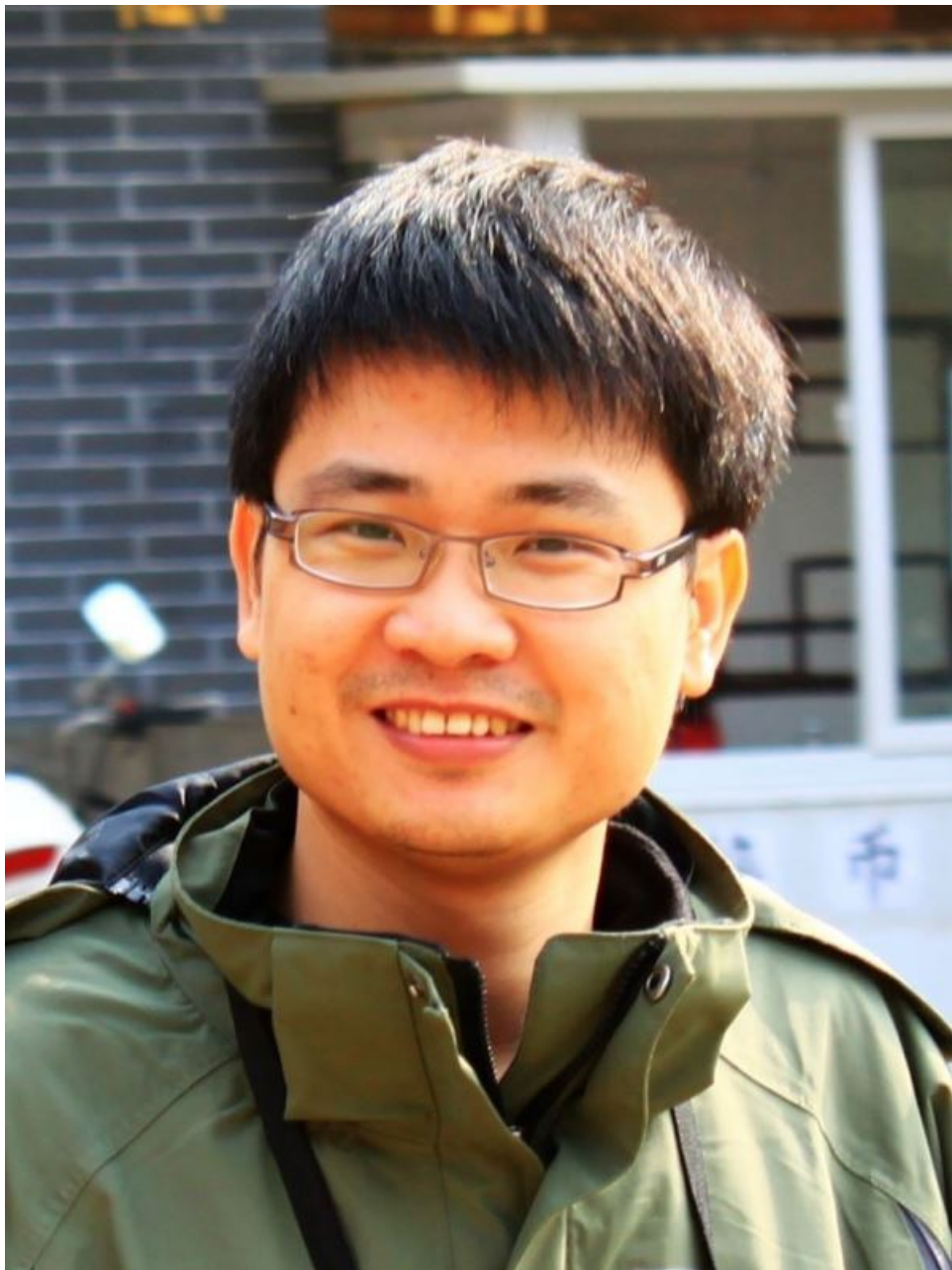


【基础科研】鸟类的演化

2014-12-22 03:22:00

原文网址：<http://blog.udn.com/MengyuanWang/108908685>

上一篇文章讨论了中国学者在考古学的新发现，今天我来谈谈一项古生物学上的新成就，由一个庞大的国际学术联盟执行，十天前一口气发了29篇论文，其中8篇主要论文登在Science为它们出的一期特刊上，而最重要的核心论文的第一作者是一个很年轻的中国学者，叫做Zhang Guojie，2005年才从中国科学院昆明动物研究所拿到博士学位，现任深圳BGI（华大基因，原名北京华大基因研究中心，1999年在北京成立，后迁至深圳，是中国发展基因工程的主要管道，也是世界基因测序能力最高的机构。去年我在美国首屈一指的John Hopkins大学生物系问他们的系主任：光BGI一家就有全世界基因测序几十个百分比的产能，美国的基因学术界怎么竞争？她说最近几年的研究资金当然是个主要问题，不过生物系比起物理系或化学系还算好的。）的研究副主任。他们这次的大突破是依据大规模的基因分析，把鸟类的演化史搞清楚了。



Zhang Guojie (张国杰？他好像很喜欢只用他的英文名字；不过如果你的英文名字缩写是Z，却有118篇论文，其中有很多你是大合作群里的第一作者，你大概也会喜欢只用英文)，他看来还不到40岁，真是英雄出在少年（40岁以下，在学术界里，的确算是少年）。

原本古生物学全靠分析比较化石上的遗传特徵，尤其是骨头和牙齒上的特徵。这当然是很不精确的，特别是自然界常有趋同演化（Convergent Evolution）的现象，针对同样的环境压力难题，不同的物种会演化出同样的解法，所以往往连不同的化石是不是来自同一个物种，都有搞错的可能，更别提建构可靠的演化树（Evolutionary Tree，或称系统发生树，Phylogenetic Tree）了。因而人类发明基因分析之后，很快地就应用在古生物学上。不过基因分析也有它自己的问题：首先，当然只有现在还存活的物种（最近可以对Neanderthal和Woolly Mammoth作分析，但那是特例，仅限于几万年内有软组织保存下来的极少数物种）才能提供基因；其次，基因分析必须对突变速度做假设，所以天生有统计不确定性；但是最大的毛病，是以往的基因分析又贵又慢，所以只能专注在很少数几个（通常是10到20个）Allele（对偶基因）上，结果是一些偶发的巧合会造成错误的解读，例如狗被驯化的过程就因此而反反覆覆，出现自相矛盾的不同说法。

BGI对世界基因测序的主要贡献，就在于解决了以往基因分析又贵又慢的毛病。到今年，分析一个完整的基因组序列（Whole Genome Sequencing）已经降低到低于一千美元（人类），时间则短于一个月（任何物种），这就开了对每个有需要的病人都做全基因组序列分析的大门，在未来几年，对癌

症和基因病变的患者，将有决定性的帮助。在基础学术研究上，这次对鸟类演化的系统性分析是一个很好的范例。BGI把48个有代表性的鸟类物种的全基因组序列做了出来，然后分发给不同领域的专家来做详细的比较。那八篇Science上的主要论文，依序讨论了下列的结果：1）完整而精确的鸟类演化树；2）鸟类的演化过程；3）鸟类发声能力的演化；4）鸟类性基因的演化；5）鸟类是如何失去牙齿的；6）鱷鱼（鱷鱼是现存的动物中，与鸟类血缘最近的表亲）的演化；7）脑部的发声基因在鸟类和人类之间的趋同演化；8）做了这次演化树大分析的软体程式的介绍。

我个人对这次这么多的新结果中，最感兴趣的是第二篇论文。大家应该都知道鸟类是恐龙的后代，在6600万年前小行星撞地所造成的白垩纪 - 第三纪灭绝事件（Cretaceous–Paleogene extinction event）中，75%的物种被灭绝了，包括所有非鸟类的恐龙。这次的研究发现只有三种鸟类在那个灭绝事件后存活了下来，分别是1）Galloanserae，即鸡、鸭、鹅等雉类的祖先，2）Paleognathae，即鸵鸟这些不会飞的鸟的祖先，3）Neoaves，所有其他的鸟类的祖先。有意思的是在灭绝事件刚结束后，其他大型动物都消失了，所以Neoaves的祖先当了好一段时间的顶级掠食者（Apex Predator）。顶级掠食者的生存压力和其他的动物不一样，所以可以从基因里读出来。

0 条留言

[返回索引页](#)