

新智慧
xin zhihui

寄生虫“鼻祖”找到了

张楠

拥有1.6亿年历史的化石里,究竟封印的是什么?

为了给一块侏罗纪化石正名,中国科学院南京地质古生物研究所(以下简称南京古生物所)的研究人员与国内外科学家合作,通过化石形态分析等研究,不仅在化石中找到了寄生虫“鼻祖”,还破解了棘头动物门的起源之谜,建立了从“自由生活的轮虫到外寄生的轮虫,再到内寄生的棘头虫”的生态演化路径。

近日,相关研究论文发表于《自然》。

执着成就“逆袭”

界、门、纲、目、科、属、种是生物的7个基本分类等级。其中,界是初步区分不同生命形式的最高分类等级;门是第二级,反映了生物在进化中的主干分支。

动物界包含30余个门级分类单元,它们共同构建了动物演化的基本框架。而每个门的起源一直是科学家研究的重点。

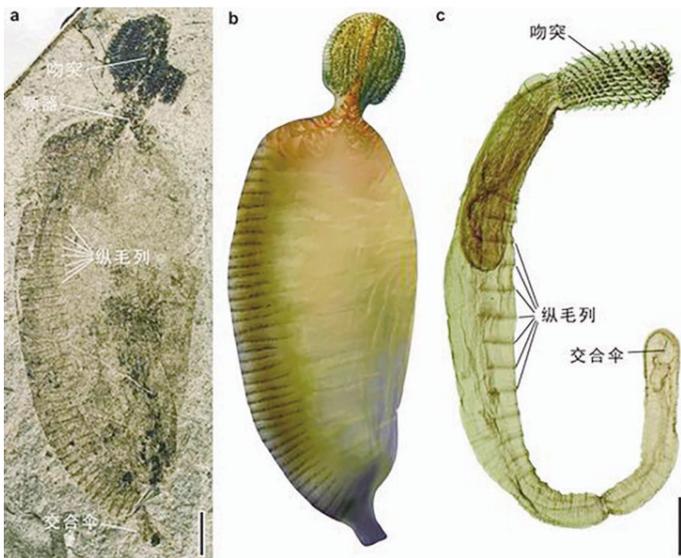
人类迄今对极少数门类级类群的起源仍知之甚少,建立已有200余年的棘头动物门便是其中之一。

南京古生物所博士生罗慈航在研究员王博的指导下,与其他学者合作,系统研究了产自内蒙古道虎沟约1.6亿年前的棘头虫化石。该研究填补了棘头虫的演化空白,为揭示棘头动物门的起源之谜提供了实证。

不过,这块化石在该所标本库等了7年才开启“逆袭”之旅。

“我们在当地老乡处多次见到此类标本,但一直没有专门收集。当时这块7年前收入标本库的化石,被我们鉴定为一类奇怪的蠕虫,但我们一直没有意识到此类化石的重大意义。”谈及研究的缘起,王博对笔者说。

分析个中原因,王博认为由于中生代蠕虫化石年代较新,一般被认为缺乏门类起源等关键演化信息,长期以来被学界所忽视。此外,中生代蠕虫往往个体较小,身体结构趋同、分类特征不清,多属于疑难化石,其鉴定要求高,研究难度大。他就曾将琥珀中的蠕虫误认成棘头虫。



侏罗虫化石(a)与复原的侏罗虫(b)及现生棘头虫(c)的对比图 杨定华

这次预料之外的突破性发现,完全源自罗慈航对科研的热爱。“他提前完成了博士论文工作,没有了毕业压力,恰好又对寄生虫很感兴趣,于是决定利用博士阶段的剩余时间开展一些尝试性研究,却得到了意外收获。”王博说。

侏罗虫现形记

棘头虫是一类海洋和陆地生态系统中常见的体内寄生蠕虫,能够感染人、猪、犬、猫、鱼等各类物种,是一类重要的医学寄生虫。

蠕虫状的外形和可外翻的吻突是棘头虫的最典型特征。吻突上有成排的倒钩,用于附着在宿主的消化道内。《科学》曾在1969年报道了棘头虫感染史前人类的案例。

长期以来,棘头虫一直被认为是一个独立的门,即棘头动物门。由于棘头虫的身体构型高度特化,其系统分类位置一直

存在很大争议。

“此前,科研人员对棘头虫的起源和早期演化知之甚少。”王博介绍,作为一种体内寄生虫,棘头虫化石很难保存,此前唯一的化石记录是来自晚白垩世鳄形动物粪便中的4枚疑似棘头虫卵。

因此,中生代蠕虫化石一直是古生物学领域的“冷门”,迄今仅开展了零星研究。

此次新发现的棘头虫,由于来自著名的内蒙古道虎沟侏罗纪生物群,因此被命名为“道虎沟侏罗棘头虫”,简称“侏罗虫”。

研究团队借助扫描电镜、能谱分析等方法,对其进行精细的解剖学研究,发现侏罗虫身体整体呈纺锤形,分成明显的三部分,即吻突、颈和躯干。

侏罗虫的吻突具有硬化的、略向下弯曲的刺,身体上有约32对纵毛列,类似结构也常见于现生棘头虫。侏罗虫的吻突中央保存了消化道,但躯干整体未发现明显

消化道,其身体末端还有一个类似现生棘头虫雄性交合伞的结构。

侏罗虫最奇特的特征是位于躯干最前方的颚器。颚器整体向前方汇聚,且前部的颚较小,向后逐渐变大,齿的数量也更多。颚器中的齿整体都朝向身体前方,且所有的颚不超过棘头虫的身体边界。类似颚器在棘头虫可能的祖先——包含轮虫动物的有颚动物类中广泛存在。

填补生态演化空白

为进一步确定侏罗虫的演化位置,研究团队构建了一个最新的、包含各类现生和化石蠕虫动物的形态数据矩阵,并展开了系统发育分析。

结果表明,侏罗虫的演化位置位于棘头虫的最根部,是棘头虫的基干类群。

虽然近年的分子系统发育分析表明,棘头虫最有可能是轮形动物中一个特化的类群,但它在轮形动物内部的演化发育关系争议极大,学界基于不同形态学证据和分子生物学证据,提出了相互矛盾的数种假说,几乎涵盖所有可能的排列组合。

系统发育学分析表明,侏罗虫是尾盘纲轮虫向棘头虫演化的过渡类群,从而在形态学矩阵分析中获得了与分子生物学分析相近的结果,成功弥合了形态学研究与系统发育基因组学研究之间的分歧。

该研究为探索棘头动物门的起源和早期演化提供了重要线索——侏罗虫展示了棘头动物先前未知的形态多样性和生态特性。具钩的吻突和较大的体形表明,棘头虫在侏罗纪可能已经演化出和蛔虫、绦虫一样寄生在另一种生物体内的内寄生习性,表明棘头虫可能起源于陆地环境,并在侏罗纪与其他轮虫分化。

“中生代蠕虫化石并不是‘研究荒漠’,它们为我们了解蠕虫类形态和生态的演化提供了不可或缺的证据。”王博表示,虽然分子生物学能够解决一些传统形态学研究难以解决的系统发育关系问题,但过渡类型的化石仍然在探究动物身体构型革命性演化中扮演了非常重要的角色。

审稿人表示,该工作颠覆了学界对“中生代蠕虫不重要”的传统认知,为棘头虫起源研究提供了重要的古生物学见解。

科普中国
CHINA SCIENCE COMMUNICATION
中国科协主办



科普中国APP

新发明
xin faming

广东以色列理工学院 研发出可修复柔性智能纤毛

广东以色列理工学院副教授姜又华团队在可修复柔性智能纤毛研究方面取得突破性进展,提出在基底制造一种名为“有装甲保护的再生柔性智能纤毛”的策略。近期,相关成果发表于《美国化学会—纳米》。

自然界的柔软纤毛以其主动运输物体闻名,例如,呼吸道纤毛的规律摆动可将呼吸系统中的灰尘和病原体排出体外,从而保护人体健康。为复现这一功能,柔性、有序且可控的人工智能纤毛被广泛研究。然而,纤毛的柔性往往与耐用性矛盾,即纤毛易受摩擦、磨损等机械损伤,导致目前人工纤毛的应用范围局限在温和的操作环境中。

毛发有一个关键特性是其根植于皮肤,毛发受损后,未受损的毛囊可使毛发再生。研究人员从毛发再生机制中获得灵感,通过“含铁气溶胶在磁场中自主装”的方法,将柔性磁响应微米纤维整齐根植于金属微孔中。

论文第一作者、广东以色列理工学院博士生魏传奇表示,在面临摩擦、磨损等机械破坏时,金属孔壁充当了“装甲”的作用,可防止机械破坏源进入孔中,进而使纤毛根部免于机械损伤。而对受损基底重复含铁气溶胶的自主装,使气溶胶在残存纤毛根部聚集、生长,可最终实现纤毛再生,即破后重建的修复。

此外,这种可再生纤毛还具备防水性、自清洁等多重功能,应用场景广泛。“该技术的成功研发,不仅破解了纤毛阵列损坏后无法修复的难题,还为智能表面设计与制备提供了全新思路。”论文通讯作者姜又华表示。

朱汉斌

新视觉
xin shijue

甘肃金塔: 农机穿梭万亩粮田



4月16日,甘肃省酒泉市金塔县东坝镇高效节水万亩粮田种植基地,村民正在驾驶大型播种机在田间来回穿梭,进行玉米春播作业。 曹红祖

河南西峡: 加紧生产赶制订单



4月16日,河南省南阳市西峡县,河南瑞发水电设备有限公司生产车间里,工人们正在加紧赶制出口东南亚的订单产品,奋力冲刺二季度生产开门红。 王小军

江苏洪洪: 湿地修复再现碧水



近日,江苏洪洪洪泽湖湿地国家级自然保护区临淮段,大型水上挖掘机正在进行主要水系航道清淤。 张连华

新资讯
xin xun

巨乌贼出没! 惊喜抓拍“生活照”

作为地球上最大的无脊椎动物,巨乌贼却出奇地难以捉摸。过去的几十年中,这种貌似“海怪”的神秘动物长期以来更像一个传说,科学家们仅从捕食这种软体动物的鲸鱼胃中发现的残骸碎片,对它的外观有了模糊的了解,并在1925年被动物学家正式描述。

而最近,科学家们终于首次拍摄到了一只30厘米长的幼体巨乌贼影像,成为这种生物在自然栖息地中被人观察到的“首秀”。

上个月,美国非营利组织施密特海洋研究所驾驶的一艘船只在南桑威奇群岛附近的南大洋进行勘测,并通过遥控深海摄像机进行现场直播。惊喜的是,一位在线观众指出他们可能拍到了巨乌贼。

根据这一线索,研究人员很快将高分辨率影像发送给独立的头足类专家。专家确认,这位观众的直觉是正确的,这只乌贼的八条腕足吸盘上长有独特的钩状结构,而这正是巨乌贼的标志性特征。它当时在海平面下600米处游荡。

此前,另一个美国非营利组织Kolossal的研究人员在2023年时可能已经在自然栖息地中拍摄到了一只巨乌贼,但由于影像质量太低,无法确认。而基于新的乌贼录像,可能表明2023年的影像确实捕捉到了一只巨乌贼。

“大小相同,颜色相同,深度相似,并且都在南大洋,”Kolossal的Matt Mulrennan说,目前他仍在等待进一步确认。

O'Shea曾在2000年代初创造了“巨乌贼”这个名称,并将这些动物描述为“深海中真正邪恶的居民”。但现在他认为它们更像是“巨大的凝胶状蠕虫,只是在海底附近的水柱中随波漂浮”。

蒲雅杰



首次确认的活体巨乌贼观测照片 资料图

新发现
xin faxian

6种猿类实现完整基因组测序

为人类进化研究提供“里程碑”视角



极度濒危的婆罗洲猩猩 资料图

人类与黑猩猩等猿类究竟有何不同?是什么塑造了人类?经过20多年的努力,科学家取得了一项里程碑式的成就——成功对6种猿类的完整基因组进行测序,这在几年前是不可能完成的任务。4月9日,相关研究成果发表于《自然》。

该团队由来自多个国家的123名研究人员组成。这项研究结果不仅能为猿类保护工作提供支持,还将增进科学家对人类为何区别于其他猿类的理解。

“我从未想过这会在有生之年实现。”论文共同作者、美国宾夕法尼亚州立大学的进化遗传学家Kateryna Makova说。近25年来,她一直致力于组装猿类基因组的完整序列。

基因组是细胞中完整的DNA指令集,对其测序意味着确定每个DNA分子构建单元的身份和顺序。在2001年成功对人类基因组进行测序后,科学家迅速着手研究其他猿类的基因组,后者在基因上与人类最接近。

Makova表示,理解猿类基因组至关重要,它为遗传学家提供了关于人类进化的见解,并揭示了使人类区别于其他猿类的遗传因素。例如,在医学领域,科学家经常研究猿类DNA中使得它们对某些疾病,如艾滋病具有抵抗力的变异。

科学家已经破解了猿类的部分基因组,但从未组装出任何猿类的完整序列。在这项研究中,Makova和同事使用了先进的测序技术和算法,从而能够读取长链DNA,并将其组装成

每条染色体的端到端的完整序列,且没有任何间隙。“这是前所未有的成就。”Makova说。

利用这些技术,研究人员解码了6种猿类的基因组,包括黑猩猩、倭黑猩猩、大猩猩、婆罗洲猩猩、苏门答腊猩猩和长臂猿(合趾猿),并在每个物种中发现了770~1482个可能的新基因。此外,他们还在此前无法“访问”的基因组区域发现了异常的DNA结构。

美国密歇根大学安娜堡分校的进化生物学家Liliana Cortés Ortiz评价,利用完整基因组能够进行更详细的研究,“这将帮助我们理解不同灵长类谱系的进化”。

这些结果对于分析濒危猿类种群的遗传多样性尤为重要——此次测序的6个物种均被列为濒危或极度濒危。Ortiz表示,相关序列未来可能帮助科学家识别那些为了物种延续必须保留基因的猿类种群。

目前,该研究获得的数据已向全球科学家开放。“这是一个绝佳资源。”德国海德堡大学的分子生物学家Henrik Kaessmann说。

全球科学家正在不断寻找人类独有的基因或某些灵长类特有的基因,以及在物种间共享但功能不同的基因。Kaessmann解释说,为了实现这一目标,遗传学家将依赖高质量的参考基因组,而Makova的研究成果提供了“猿类可用的最佳基因组”。 张佳欣