

美丽神奇 的世界景观丛书

陈玉凯◎编著

MEILISHENQI *De* SHIJIEJINGGUANCONGSHU

75



内蒙古人民出版社

美丽神奇的世界景观丛书 (75)

编著 陈玉凯

内蒙古人民出版社

图书在版编目(CIP)数据

美丽神奇的世界景观丛书/陈玉凯编著. - 呼和浩特:
内蒙古人民出版社, 2006. 8

ISBN 7-204-08608-2

I. 美… II. 陈… III. 自然科学-青少年读物
IV. N49

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2006)第 085913 号

美丽神奇的世界景观丛书

陈玉凯 编著

*

内蒙古人民出版社出版发行

(呼和浩特市新城区新华大街祥泰大厦)

北京一鑫印务有限责任公司印刷

开本: 787 × 1092 1/32 印张: 300 字数: 3000 千

2006 年 8 月第 1 版 2006 年 8 月第 1 次印刷

印数: 1-3000 册

ISBN 7-204-08608-2/C · 171 定价: 1080.00 元(全 100 册)

如发现印装质量问题, 请与我社联系 联系电话: (0471) 4971562 4971659

前言

我们迎来了生机勃勃的二十一世纪,今天的青少年朋友是我们国家的未来,是国家最雄厚的人才资源。一个国家的综合国力的竞争归根结底是人才的竞争、民族素质的竞争。青少年时期是长智慧、知识积累的时期,是人的素质全面打基础时期。如今,我们终于可以看到有这样一套专门为青少年朋友编撰的自然科学领域和诸多学科知识的精品读物——《美丽神奇的世界景观丛书》与青少年朋友们见面了。

二十一世纪是科学技术全面飞速发展的世纪,亦是终身教育的世纪。青少年学生仅具有一定的基础知识和技能是远远不够的,还应培养浓厚的学习兴趣、旺盛的求知欲,以及相应的自学能力。《美丽神奇的世界景观丛书》正是以教学知识面为基础,适度地向外扩展,以帮助青少年朋友巩固课本知识,获取课外新知识,开拓视野,培养观察和认识世界的兴趣和能力,激发学习积极性,使青少年朋友在浏览阅读中增长学识、了解自然认识自然。

《美丽神奇的世界景观丛书》以全新的编撰角度,着力构筑自然界与自然科学领域的繁复延衍。

全套图书共100册,知识面广泛,知识点与浅入深,是一部符合青少年朋友阅读的课外读物。

《美丽神奇的世界景观丛书》立足以青少年为本,以知识新、视角广为编撰初衷,同时得到了数十位专业与教学领域的专家、学者、教授的参与指导。大千世界,万物繁复,无所不包,无奇不有。每一事物都有孕育、诞生、演变、发展的过程。《美丽神奇的世界景观丛书》采用洁简、通俗易懂的文字,丰富的揭示自然界与自然科学领域的林林总总,用科学方法和视角溯本求源,使青少年朋友在阅读中启迪智慧,丰富学识。

编 者

目 录

肤色与基因	(6651)
人类与黑猩猩仅差 1.23%	(6653)
大肠杆菌的功勋	(6661)
500 万年后,地球真的无男儿吗	(6664)
小小基因铸大错	(6668)
基因不是万能的	(6672)
21 世纪福尔摩斯怎样破案	(6675)
DNA 身份证	(6681)
人类起源于非洲吗	(6685)
人类基因组计划揭秘	(6688)
“百分之一”:中国人的骄傲	(6704)
果蝇和老鼠的秘密	(6713)
不怕病虫害的庄稼	(6715)
能帮人免疫的水果	(6718)
让枯骨开口说话	(6721)
用基因消灭毒品	(6727)

用基因创建疫苗工厂	(6728)
喝羊奶治病	(6731)
基因疗法	(6735)

肤色与基因

世界不同地域的人们享有的共同点比以往设想的要多——起码在遗传基因上如此。

《科学》杂志发表了一项研究结果。它进一步证实了以前的研究,确定世界人种虽然外表不同,但是他们的基因基本上是一样的。

斯坦福大学的科学家们发现,那些微小的差别足以让他们从 DNA 上查明大多数人的地理祖先来自何方。

研究小组的负责人马库斯·费尔德曼从 1056 人身上采集了 DNA 样本。这些人分别来自非洲、欧亚大陆、东亚、大洋洲和美洲五个地理区域中的 52 个群体。

接着,研究者们鉴别了“微随体”。它们是 DNA 链上的一小段,为每个群体所共有并能遗传给下一代。

费尔德曼说:“每个微随体有 4 至 32 个鲜明的类型。大部分是在几大洲的人群中发现的,这说明每个群体仅仅独有一个很小的遗传特点。这意味着人类群体之间的可见差别——比如肤色和体型——是由遗传特点的微小差别造成的。”换句话说,任意两人的 DNA 序

列有 99.9% 是完全相同的。

研究者们还认为,全部遗传变异的 94% 存在于同一群、体的成员之间,而两个不同群体之间共同的遗传变异只有 3% ~ 5%。

人类与黑猩猩仅差 1.23%

研究人员正在比较各种生物的基因组,以探索基因的秘密。根据报告,比较人类的基因组与黑猩猩的基因组,可以发现两者仅差 1.23%,这个差异比起以前的报告来得小。随着这类研究不断取得新的进展,我们也许可以查明与人类特征有关的基因。

以日本理化学研究所基因组科学综合研究中心基因组构造信息研究小组计划召集人藤佳之、基因组图开发研究小组组长藤山秋佐夫等人为中心的研究小组,制作了世界最早的人类与黑猩猩基因组比较图,发表了“人类与黑猩猩仅差 1.23%”的分析结果;论文刊登在 2002 年 1 月 4 日的《科学》周刊上。藤山秋佐夫组长说:“以前的研究认为人类与黑猩猩的基因组差 1% ~ 2%,这次所得的结果为 1.23%,虽比以前的结果来得小,但是我们研究了整个基因组大约 1% 的序列,因此可以说相当准确。”

美国冷泉港实验室发行的《基因组研究》期刊执行编辑岁利·古德曼说:“虽然许多研究小组在比较人类与黑猩猩的基因组,但是以前大家只针对基因组中相当有限的区域作比较,这次的研究则比较了人类与黑猩猩的整个基因组,因此极为重要。”

即使完整解读基因组,所读取的信息仍然有限。

生物的遗传信息透过腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶、胸腺嘧啶4种碱基排成序列的方式,写在DNA上。在2001年2月,推动人类基因组计划的国际团队与塞莱拉公司分别发表了人类所有DNA(亦即人类基因组所有碱基序列)的概要。国际团队还在2003年4月,以99.99%的精确度,分析出了人类基因组所有碱基序列。

召集人瞭佳之说:“国际团队的工作进行得很顺利,但是我们即使读出基因组的所有序列,所读取的信息仍然有限。这是因为我们对自己的遗传信息不够了解、分析的方法也不充分的缘故,读取信息必须采用种种方法来分析。”

人类基因组约由30亿个碱基对构成,其中以基因形式发挥作用的只占极少部分。根据预测,人类基因共有3万多个,这些基因中许多尚未被发现。

找出基因位于基因组何处的方法之一,就是与其他生物的基因组作比较。生物学上重要的序列在进化过程中,可能会被保存下来,因此好好比较人类与其他生物的遗传信息,即有可能发现未知基因。瞭佳之说:“从基因组读取信息时,分析比较基因组的工作非常重要。”

由于通过比较人类与其他生物的基因组信息,DNA序列所代表的意义将更明确,最近名为“比较基因组学”的研究领域正迅速发展。

比较基因组可以得知 生物一般性与多样性

比较基因组有两个研究方向,一个方向是比较小鼠,鱼之类在进化上与人类亲缘较远的生物,找出人类基因组与这些生物基因组共同保有的区域。分析这个部分,也许可以得到两者共有的信息,例如可以得到建构脊椎动物身体的信息。比较在进化上与人类亲缘更远的生物,也许可以得到有关生命活动的基本信息,例如可以得到细胞分裂增殖机制、维持生命所需酶作用等的信息。

另外一个方向是比较人类以及与人类近缘的生物基因组,如同这次比较人类与黑猩猩基因组。通过这个方法,可以得到某物种特有的信息。

瞭佳之说:“比较基因组除了可以得到所有生物的一般信息,也可以知道生物的特色,生物具备多样性,每种生物各有各的特殊性状。”换句话说,通过比较基因组,我们既可以知道生物的共同性,也可以明白生物的多样性。

古德曼说:“查明基因组的哪个部分是基因、该基因做什么事,是今后基因组研究的大课题。比较基因组就是回答这个问题的最有效方法之一,因为任何生物都会保有与重要功能相关的基因组区域。而如果能够发现某生物的特殊基因组区域,我们可以通过这个区域,明

白它是区别该生物及其他生物的区域,或者完全没有作用的区域。”

制作人类与黑猩猩基因组比较图

黑猩猩与人类亲缘最近,从什么使人之所以像人这点看来,比较人类与黑猩猩的基因组是相当有趣的事。以直立方式用两脚行走,具备语言能力,拥有感情、高度思维等精神活动,这些特征使人所以像人,黑猩猩再聪明也不可能变成人。人类小孩与一般人接触,不久即学会说话;但黑猩猩不管与人类做多少接触,还是不会说话,这受到遗传决定。通过比较人类与黑猩猩的基因组,我们可望获得使人类具备人类特征的遗传信息。

如何比较人类与黑猩猩的基因组呢?

从单纯的角度来考虑,以直接比较两者完整的基因组为佳,但是相对于人类的基因组已大致明朗,黑猩猩的完整基因组信息却仍欠缺。如果像解读人类基因组那样解读黑猩猩的完整基因组,就会像再次执行人类基因组计划一样,解读速度再怎么提升,成本再怎么降低,也是相当棘手的事。

瞭佳之召集人、藤山组长的研究小组所采用的方法,是从黑猩猩基因组切出许多 DNA 断片,通过这些断片来寻找与人类基因组相对应的部分,并且将两者的对应部分并列观察。

具体说来,方法如下:首先利用扮演剪刀角色的限

制酶,将黑猩猩的 DNA 切成许多部分,再把 DNA 断片插入名为“细菌人造染色体载体”的大肠杆菌环状 DNA 中;这些插有 DNA 断片的环状 DNA 称作“细菌人造染色体纯系”。接下来,使带有“细菌人造染色体纯系”的大肠杆菌增殖,并利用机器解读其中黑猩猩 DNA 断片两端的碱基序列。然后根据黑猩猩 DNA 断片两端的碱基序列,以电脑寻找与人类基因组相对应的部分,将对应部分并列出来。研究人员利用这个方法,最后制作出将 7.7461 万个黑猩猩 DNA 断片与人类基因组并列比较的“线状纯系图”。

发现人类与黑猩猩在 500 万年间改变了 1.23% 以这次所得结果,计算人类与黑猩猩基因组序列的平均吻合度,得到 98.77% 的值。也就是说,两者相差 1.23%,比研究人员以前的推测值来得小。相差 1.23%,一般人也许会以为人类与黑猩猩的基因组简直一模一样,其实以碱基数来看,单纯计算也有大约 3700 万个碱基不同。藤山组长说:“据说人类与黑猩猩大约在 500 万年前分道扬镳,两者分道扬镳后,人类不断向人类的方向变化,黑猩猩也不断向黑猩猩的方向变化,彼此在 500 万年间改变了 1.23%。因此调查两者哪里不同,成了今后的大事。”这个 1.23% 的差异是平均分布在整个基因组上,还是集中在某个局部区域? 研究人员调查日本小组负责解读的 21 号染色体,发现某些局部区域似乎差异颇多。

1.23% 毕竟只是人类与黑猩猩的基因组差异,而非人类与黑猩猩的基因差异,基因问题是今后必须解决的

课题。藤山组长说：“接下来的问题是，人类与黑猩猩的基因组在 500 万年间出现了 1.23% 的差异，这个差异和人类与黑猩猩的实际差异有什么关联？”

根据藤山组长的说法，今后可先针对黑猩猩“与人类 21 号染色体相对应”的 22 号染色体，来调查整个基因组的构造。他说：“另一个问题仍是基因问题，由于人类与黑猩猩可能有若干基因不同（例如与神经传导有关的基因），我们可以列出候选基因，优先调查。”

制作基因组比较图相当重要

这次的公布使得“人类与黑猩猩的基因组差异非常小”成为话题，其实这个研究最该受到瞩目的是全世界首次制作出人类与黑猩猩基因组比较图。藤山组长说：“有了基因组比较图，我们利用这个图，可以马上知道与人类基因相当的黑猩猩基因组区域。”

古德曼也说：“这次的工作首次在比较人类与黑猩猩完整基因组上提供了有效的方法，这个比较图为许多人所作的研究建立了框架，研究人员可从图中轻易得知人类与黑猩猩整个基因组比较的情况。目前这个比较图还不完整，今后的研究应可弥补不足之处。”

古德曼认为，我们仅仅从用不着执行解读黑猩猩基因组的计划，就可以明白这个比较图非常重要。他说“小鼠、大鼠、果蝇、斑马短丹尼鱼、线虫、阿拉伯芥、酵母菌以及其他许多细菌的完整基因组都已经被解读。今

后准备解读的生物是水稻、玉米、番茄、大麦等农业上重要的植物,牛、绵羊、马、鸡等禽畜,以及狗、猫等宠物。虽然许多研究人员对黑猩猩感兴趣,但是根据现在的情形来看,黑猩猩将不会列入今后准备解读的‘模式生物’名单中。”由此可见制作这种比较图后充实图的内容,是解读基因组的非常有效的方法。

今后阐明人所以为人的 研究会因此加速吗

由 DNA 层次可以明白人类所走的进化之路吗?

日本国家遗传学研究所进化遗传研究部门斋藤成也副教授,为了发现哪些基因变化会使猿类带有人类特征,而推动“类人猿基因组计划”。他说:“我对意识感兴趣,所谓意识指的是知道自己是谁。我对产生意识的遗传背景感兴趣,想了解产生意识的遗传背景,还是得研究与人类亲缘最近的黑猩猩。”人类除了意识之外,还有以直立方式用两脚行走等种种形态上的变化,这些都记录在基因组中。

根据斋藤副教授的说法,人类与黑猩猩虽然在基因组层次有 1.23% 的差异,但是其中包括氨基酸不随碱基改变而改变的变化。从氨基酸不改变对进化将不造成影响的角度来考虑,去掉氨基酸不改变的变化,人类与黑猩猩间氨基酸会改变的 DNA 层次变化不过是 1.23% 的数分之一。他说:“我们推测只有 0.2% 的差异。”

这些差异中当然包括使人类得以借直立方式用两脚行走的基因。斋藤副教授说：“严格说来，黑猩猩、日本猕猴可能都拥有该基因，只是人类的基因可能稍稍作了改变，例如使骨盆的形状改变了。”人类与猿类几乎拥有相同的基因套组，因此即使人类与猿类可能带有不同种类的基因，是不是该基因的什么地方稍稍改变，才使两者之间出现类似人类与黑猩猩那样的差异呢？他说：“人类与猿类之间的差异大部分可用这个理由解释。”

人类与黑猩猩究竟是 相似还是相当不同呢

斋藤副教授说：“答案是肯定的，也是否定的。”生物学重视进化上的连续性，以前大家认为人类与黑猩猩类似。他说：“但是随着资料累积，我们发现两者的差异还是蛮大的，因此答案是肯定的也是否定的。人类与黑猩猩之间在进化上的某个地方出现了跨不过的鸿沟，这个鸿沟从 DNA 层次看，却又出乎意料地小。”

通过比较黑猩猩等灵长类的基因组，探索其中的小差异，我们也许可以从 DNA 层次明白人类所走的进化之路。人类与黑猩猩的基因组比较图，使我们向了解这种差异迈出了第一步。