



66

在一二十年里, 每个历史语言学家 都将使用这种方法, 因为这些工具确实 强大。

进化论帮助 Russell Gray 解释为何乌鸦能够制作类似这个钩杆样的工具。 图片来源: GODFREY BOEHNKE

"世上没有奇迹"

遗传学方法重塑语言学研究发展脉络

"我是一个热情的男人,捕鸟和钓鱼只是我生活的一部分。"Russell Gray 说。他拿着双筒望远镜和鱼竿,走在提里提里玛塔基岛的小路上,这里是野生动物的避难所。现年54岁的Gray 大步走向森林,热心地指出该岛最稀有的鸟类,描述着它们的生态学历史,并开心地讲述自己曾捕到的一条大鱼。"我也钟爱食物和美酒。"他说。

片刻之后,他指着一对斑鸠鹚说,"这是我首个进化研究的课题,所以我喜欢它们。"似乎是鸬鹚等海鸟铺就了 Gray 通往人类语言和文化进化研究的道路。尽管 Gray 的兴趣非常广泛,但毫无疑问进化生物学排在首位。作为新西兰奥克兰大学进化生物学家和比较心理学家,Gray 打破了动物认知和历史语言学一直被认为无法利用科学方法研究的状况。

没有奇迹

语言以未知的速度发生着变化,因此对于许多语言学家而言,分析不同语言之间的关系更像一门艺术而非科学。但通过借助遗传学,Gray 及其同事利用进化法改变了该学科,将其塑造成一门史前时代的科学。该研究小组揭示了南岛语族与原始印欧语系(PIE)语言和居民的历史,并追踪了他们在广阔范围内的迁移。

英国雷丁大学进化生物学家 Mark Pagel 提到,尽管存在争议, Gray 的论文仍剧烈影响 了该领域, 许多研究人员视他为"改革先驱"。 Gray 的新方法促使德国马普学会聘请他担任 历史和科学研究所联合所长。

不过,接见 Gray 的马普学会官员甚至没有意识到他还有另一个研究重点:动物认知。例如语言的起源等复杂思维是如何进化而来的问题被认为超越了科学的范畴。但 Gray 坚信,这个"黑盒子"产生了进化式思维方式。目前,他正负责奥克兰大学新克里多尼亚乌鸦项目,

这种鸟加工简单工具的能力让生物学家吃惊。 "这些乌鸦能制造工具,但其他鸟儿不行,这是 有原因的。这并非奇迹。"

可以说,"没有奇迹"是 Gray 的格言。

进化的力量能"解释许多事情"。在阅读了 Richard Dawkins 的《自私基因》后,还在陶兰加 读高中的 Gray 深受影响。于是,凭着对进化的 热爱,他获得博士学位,并在奥塔哥大学任教。 "在新西兰南岛,有很多奇妙的海鸟,我开始对 海鸟行为感兴趣。"

使用现有的鹈形目(包括鹈鹕和鸬鹚)社会 行为描述,1996年,Gray制作了12个行为系谱 图,并将它们与已经出版的形态学和基因图谱 进行了比较。结果这些图谱大部分相匹配,这表 明有相似行为的鸟类拥有同一个祖先。

将科学带入语言学

对于 Gray 而言,"以相同的方式思考人类语言并不是一个飞跃。词语的形状和排列有非常多的记录。"他曾听到过波利尼西亚语,包括毛利语、汤加语和萨摩亚语。仅仅是听到,他就能说出它们一定息息相关。正如鸟类行为一样,Gray 怀疑太平洋岛屿语言产生于对"某种世袭语言的修改"。他的主要观点是:"词语好比基因",由于共享祖先,它们彼此间类似。

例如,英语中的"mother"和德语中的"mutter"读音相同,因为它们都源自于相同的PIE 词语"mehter"。语言学家将这类词语称为同源词,并且使用它们构建谱系,显示这些语言之间的关系。

Gray 将分析更进了一步:用于追踪基因世袭的软件也同样适用于语言学。2000年,他和同事在《自然》杂志发表了一篇文章,他们使用语言树测试了有关太平洋岛屿居民讲祖先的南岛语的假设:在数千年中,是中国台湾居民迅速扩散到各个岛屿,还是南岛语族和其他语言者在更长的时间内慢慢融合。分析了77个南

拥有特定突变的细胞数量取决于这些突变发生的

基因改变

岛语系和5185个词句后,研究人员发现,台湾语系最古老。

"论文发表出来后,我曾经欢欣鼓舞。"同样研究语言进化的 Pagel 说,"他展示了你可以利用语言材料测试人类历史问题。"

2009 年,该研究小组利用更复杂的统计材料,扩展了他们的南岛语族分析,结果发现这些语系一阵一阵地发生偏离和改变,这些时间可能与特定发明有关,例如独木舟和帆。"通过对照语言表就得出这些结论的想法有点狂热。"美国加州大学伯克利分校历史语言学家 Andrew Garrett 说。

当 Gray 和同事将他们的技术应用于一个更大的问题——印欧语系的起源上时,Garrett和其他语言学家对相关结论表示反对。

另外,还存在两个相互矛盾的假设: 9000~8000年前,PIE 起源于安那托利亚语,并随着使用者定居点的扩大而扩展;或者它仅在6000年前才出现在黑海和里海北部的草原,然后经由游牧民族和战士的马匹和推车传播出去。而大部分语言学家赞成后一个假设。

在一系列论文中, Gray 小组使用 软件分析了 103 个欧洲和亚洲古老及现代语言的词汇。他们建立了系统树,并指出 PIE 起源于7600 年前。然后, 他们使用了来自生物学另一个分支的方法, 利用软件程序确定病原体的地理起源。结果树和地图显示, 安那托利亚才是 PIE 的故乡。

质疑不断

但一些语言学家反对这些结论和研究方法。"我的语言学研究工作备受争议。当我们发表成果时,出席语言学会议的人们就会离开房间。"Gray 说。

语言学家不反对 Gray 的语系树,这基本与使用传统方法得出的结论相匹配。但他们反对 Gray 有关 PIE 起源的地点和时间的论断。宾夕

法尼亚大学历史语言学家 Don Ringe 表示,他的结论与"印欧语系起源和多样性的最佳考古学结果"不符。该结论基于"wheel"的同源词,从梵文到希腊语再到德语,这个词出现在印欧语系的多个分支中。

语言学家表示,这些同源词都起源于对一个 PIE 词汇(k'ek'los)的改造,这个词最早出现于 5500 年前——首个车轮出现的考古日期。而且,这些早期的车轮和车轴与游牧民族有关,而非安那托利亚人。

Ringe等批评者还反对 Gray 的量化方法,因为它将变化率用于词语变化上。这些是同源语言演变史学的主题,这是目前一种受到怀疑的技术,曾被用于确定语言的时间和扩展。"同源语言演变史学存在的问题是,它假定词语以一个稳定的速率进行变化。"Gray 说。但他提到,生物学家在建构首个分子钟时,也存在相同的错误。但他们通过制造"不严格的"时钟软件程序找到了解决问题的方法。

尽管存在争议,Garrett表示,他和其他一些历史语言学家现在也承认 Gray 的生物学方法的力量,并且自己也开始使用这种方法。他和同事将很快出版自己的 PIE 进化分析研究,他们将使用更精确的同源词和模型。而且,他们的结论支持草原假设。

不过, Garrett 补充道: "实际上, 我们进行的这些语言学进化分析完全要归功于 Gray。在一二十年里, 每个历史语言学家都将使用这种方法, 因为这些工具确实强大。Gray 极具创造性。"

而在马普学会, Gray 将不仅仅探索语言学。他的研究范围扩展到了文化领域, 他热切期望使用系统发生学方法研究何种社会因素导致对神的信仰以及小部落如何发展成大国家等问题。"文化人类学认为政治结构和宗教的产生没有任何规则。但对我而言, 这些是经验主义问题。我们不应该只是挥挥手。世上没有奇迹。" (张章)

||科学线人

全球科技政策新闻与解析

欧盟养老新政 意在敦促科研人员流动



图片来源:JEVTIC

对于欧洲研究人员来说,由于各国之间存在各种社会与劳动法,把工作从德国慕尼黑换到爱尔兰都柏林并不像从美国一个州跳到另一个州那样容易。10月1日,欧盟委员会公布了一项泛欧盟养老基金政策,被意在敦促科研人员跨国界流动。

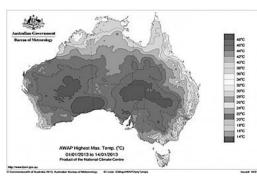
在这项被称作"欧洲研究机构退休储蓄工具(RESAVER)"的新体系下,科研人员只须隶属于一项养老计划,他们在跨国或在不同的研究机构之间流动时,他们的权益便能够得到保障。"RESAVER的财政支持也非常具有竞争性。"欧洲核子研究委员会(CERN)养老基金总执行官 Théodore E-conomou说,这项基金将不会替换现有的国家养老系统(通常叫作第一养老支柱),但是将会参考雇员的贡献以及私人养老计划(即通常所说的第二与第三支柱性养老金)给个人提供补充性的财政支持。

但目前该计划仅限于签约的数个研究机构,包括奥地利维也纳理工大学、意大利里雅斯特 Elettra 同步加速器研究中心以及荷兰的大学联盟(CERN 和英国剑桥大学也在发起与支持这项系统的科研院所之列,但它们并未加入 RESAVER)。

要扩大这项新养老政策的蓄水池可能并非那么容易。"RESAVER 在一些国家或并不可行,或不那么具有吸引力,比如法国、德国、英国。"支持该基金计划的欧洲研究型大学联盟(LERU)政策官员Katrien Maes 说。比如,"法国公共研究机构的科研人员不能选择退出他们的强制性养老金体系,而且这一体系已提供了相对高水平的保障"。欧盟委员会 2010 年的一份可行性报告称。

然而,欧盟委员会似乎对于 RESAVER 计划仍很乐观,并认为随着时间的发展,它可以使更多研究机构与科学家获益。在2014年年底前,委员会计划在未来4年际资400万欧元,帮助覆盖该系统最初的成本花费。"一些欧盟成员国仍然存在障碍,尤其是涉及到公共研究机构的科研人员。"该委员会一位成员在给《科学》杂志的邮件中表示,"然而,我们预期这些障碍在未来几年会逐渐消除。"(冯丽妃)

澳大利亚 2013 年热浪或与人为气候变化有关



图片来源:澳大利亚政府

澳大利亚熬过了两个紧挨着的炎热夏季,2013年年底到2014年,创纪录的热浪横扫该国。现在,5个独立研究显示,炎热夏季与人为气候变化有关。

这些论文是一份更大报告——《从气候角度解释 2013年的极端事件》的一部分,该报告发表于《美国气象学会简报》(BAMS)。这份报告包括针对去年发生的 16个不同极端气候事件的 22个独立研究。虽然研究人员推断人类行为增加了澳大利亚热浪的可能性和严重程度,但他们也报告称,很难看到气候变化和其他极端事件之间存在直接联系,其中包括最近两年发生在美国的加州干旱和科罗

拉多州大暴雨。 北卡罗来纳州国家气候数据中心(NCDC)主 任 Thomas Karl 在新闻发布会上提到,这份报告强 调了"归因研究"的价值和局限性。作为一个年轻 的学科,归因研究力争强化对促成极端事件的因 素的理解。Karl 表示,这是十分困难的,因为极端 事件"非常复杂",并有多种因素共同作用,例如 降水、温度、土壤湿度、积雪场有效性和人类的水 土消耗量等。

"这是科学家在过去几年中承担起的新任务。" 他说,"目前仍然处于早期阶段。我们也知道自己在 变量研究方面的能力有显著差异。"例如,气候变化 对气温改变的影响比对降水的影响更容易追踪。

报告的联合编辑、NCDC 的 Thomas Peterson 指出,这份报告的一个优势是,数个研究团队聚焦同一事件。例如,5个研究小组调查了澳大利亚热浪,并发现了一个强有力的气候联系。"5篇论文联合在一起,是一个非常强有力的信号。"他说。

但是,研究加州干旱的3个研究小组未能得出长期气候变化如何驱动该事件的清晰图景。一个研究发现气候变化直接影响了该地区的"位势高度"——与大气中的高低气压相一致,但没有发现这些压力和实际变化与导致干旱的气温和降水有直接联系。 (张章)

科学家研发出定向深度测序技术让致病突变无处可逃

今年8月,美国波士顿儿童医院的科研人员在一项研究中深人检测了临床基因测试无法确认病因的158名脑畸形患者的DNA。在高灵敏度测序的帮助下,研究团队发现了只在每个人很少一部分细胞中发生的8个致病基因突变。对于传统基因诊断测试来说,它们实在是太过于微小。

太过于微小。 这类细胞基因变异又称嵌合突变,存在于每个人的身体中,并且早就为人所熟知。不过现在,基因技术使得"抓获"在少部分细胞中存在的特定突变成为可能。10月,国立卫生研究院(NIH)将开始评审旨在寻找脑组织中基因变异的基金申请,而这有可能帮助解释一些神经精神病学疾病。同时,随着研究人员发现更多关于嵌合突变的案例,他们正在怀疑到底有多少与基因相关的病因还保持着隐身状态,即使是面对最好的临床测试。

在过去,基因疾病研究一直关注的是通过生殖细胞系遗传下来的突变,其被看作是身为携带者的父母或卵子和精子形成过程中发生基因错误而留下的"遗产"。一旦胚胎开始发育,每次细胞分裂时基因错误都有可能发生。NIH国家基因组研究所遗传学家 Leslie Biesecker介绍说,由于随后细胞会增殖并扩展它们的突变,因此每个身体都成为一种"微型进化试验场"。拥有特定突变的细胞数量取决于这些突变发生的时间和地点以及其改变细胞功能的方式。很多这样的突变都是良性的,但有些会引发疾病。

对于引发疾病的嵌合突变的系统寻找才刚刚开始。Biesecker表示,这种现象在有些病例中很明显。例如,对于多发性骨纤维营养不良症,异常细胞会通过一个人皮肤上的斑块或形状表现出来。不过,任何一种基因疾病都可能与嵌合突变有关。研究表明,从多发性骨纤维

营养不良症,到血友病和心律失常,嵌合突变会在几十种条件下发生。

受精卵

时间和地点及其改变细胞功能的方式。

在一些疾病如唐氏综合征中,相较于影响 全身细胞的突变,嵌合突变产生的症状要轻一 些。还有一些如大脑过分发育导致的巨脑畸形 综合征,胚系突变总是致命的。根据一项最新研 究,甚至很少量的变异细胞就足以引发损害人 身心健康的症状。

找到这些稀有的突变并非易事。为检测某一特定基因或完整基因组,研究人员通常从大量细胞中提取 DNA,然后对其进行多次测序。从这些反复测定的序列中,测序仪基本上会就 DNA 链上每个碱基的可能身份达成共识。

为从普通基因组中检测到突变,研究人员不得不增加测定的序列数量。然而,尽管 DNA测序变得快速和廉价,但在测序覆盖度(一个基

因组有多少碱基被测定)和深度(基因组中每个碱基被测定的次数)之间出现了权衡问题。波士顿儿童医院神经学家和遗传学家 Christopher Walsh 介绍说,在全基因组测序中,通常会测定50~60次。只在很少一部分测定序列中出现的突变,会被看作测序仪固有误差率的一部分,而非取样细胞间 DNA 序列上的真实差异。

嵌合突变

图片来源:《科学》

细胞繁殖

这就是 Walsh 和同事最近在研究脑畸形 患者时所做的事情。引发脑畸形的已知遗传 因素中,没有一个出现在标准临床测试中。然 而,针对少数候选基因区域进行的平均 300 次深度测序,使该研究团队有能力辨别那些被误认为测序错误的突变。在 8 个突变中,有5 个只在非常少量的细胞中出现,以至于利用仍是验证突变"黄金标准"的传统桑格 DNA 测序完全检测不到它们。8 月,该研究团

队在《新英格兰医学杂志》上发表了相关成果。Walsh表示,深度测序或许最终可以让科学家找到隐藏在一些慢性神经疾病,如智障和自闭症背后的基因嵌合突变。

平时初近月后的基因联合关爱。 寻找嵌合突变的其他研究人员正在追求一种更加灵敏和有针对性的方法,即基于聚合酶链反应(PCR)的技术,它能探测只在不到1%的细胞中存在的突变。该类测试只会显示其在设计时指向的某个单一突变,而不是一个特定基因所有的变异。不过,在一项针对拥有基因疾病儿童的健康父母的最新研究中,一种类似的PCR方法被证实可以显示很多突变。

起初,这些父母的基因突变被检测为阴性,而在孩子的所有细胞中都检测到了突变。但领导该项研究的贝勒医学院遗传学家 Pawel Stankiewicz 介绍说,在 4%的病例中,少量亲代细胞含有突变,而它们也有可能出现在卵子或精子中。相关成果曾在 7 月份在线发表于《美国人类遗传学杂志》。然而,当基因实验室测试这些父母,看其是否为疾病的基因载体时,却常常无法对生殖细胞系组织进行取样。 Stankiewicz表示,对精子进行测序是不切实际的,而获取卵子涉及侵人性活检。为更准确地为家庭提供指导,实验室需要更加复杂的测试。

不过,像 Walsh 和贝勒医学院团队使用的诸如此类的高灵敏度测序方法,在高校实验室和研究型医院之外并不常见。Walsh 解释说,部分原因在于要想确认一个在 DNA 样本中极少出现的序列是真实的致病突变而非测序错误,是一件非常复杂和耗费时间的事情。同时,由于目前深度测序基因组将注意力缩小到一系列已知候选基因或特定突变上,研究人员只得受限于对那些遗传因素已了解得较多的疾病。Walsh预测,DNA测试技术的改进将最终带来针对嵌合突变的更加广泛的搜寻。