



古树一定是“天然遗传宝库”吗？

■本报记者 朱汉斌

在乡间村口、古寺院院或深山老林中，我们常能见到枝干苍劲、树冠如盖的古树。它们活了百年甚至数百年，默默见证着一代代人的出生、成长与老去。对许多人而言，古树是乡愁的坐标、历史的见证；对生态学家来说，它们又是无数鸟兽虫菌的栖息场所，是记录气候与环境变迁的活档案。

因此，当全球古树在气候变化与人类活动影响下日益减少时，保护古树成为文化与生物多样性领域的共同关切。在科学界，古树还被寄予另一重期望——不少研究提示，古树或古老森林往往保存着丰富的遗传多样性，堪称“天然遗传宝库”。它们可能携带了祖先留下的、在年轻种群中已鲜少见或消失的遗传变异，可为物种恢复提供珍贵材料。

然而，这一假设是否具有普遍性？一棵树活得够久，是否必然意味着它拥有不可替代的遗传价值？中国科学院华南植物园研究员康明团队与瑞典乌普萨拉大学教授 Martin Lascoux 团队合作，以植物界“活化石”——水松为研究对象，从全基因组层面给出了一个出人意料的答案：古树的进化意义并不取决于树龄长短，而取决于它所属的遗传谱系及其种群所经历的历史。8 月 11 日，相关成果发表于《自然-植物》。

水松古树正面临消亡风险

水松是水松属现存唯一物种，被誉为植物界的“活化石”。它主要生长于沼泽、河漫滩等湿地环境，常形成露出水面或土面的呼吸根，对水文变化敏感。其祖先曾广布于北半球，如今主要分布于中国南方的广东、福建、江西等省份，并零星分布于越南和老挝。

“目前，水松以 3 种形式存续：约百株散布于村落、寺庙、农田及传统风水林中的古树，约 10 个极小野生种群，近 50 年来逐步建立的人工栽培群体。”论文第一作者、中国科学院华南植物园副



夕照下的福建戴云寺水松古树孤影。
章为平 / 摄

研究员章为平表示，这种情况使水松成为检验“古树是否天然就是遗传宝库”的理想对象。

研究团队在中国南方及越南 59 个地点采集了 147 株水松，包括 64 株古树、33 株野生树和 50 株栽培树。其中的古树树龄明确（超过 100 年）、生长于人为影响景观、区别于残存在自然湿地中的野生树。3 类个体年龄结构差异明显：古树多数记录树龄为 150~800 年；现存规模较大的两个野生种群平均树龄约 85 年和 112 年；栽培树主要种植于近 20~50 年。它们的胸径差异与年龄结构总体一致。

“令人揪心的是，那些高大的古树不少已步入衰亡边缘。”章为平告诉《中国科学报》。野外调查显示，64 株古树中有 39 株（60.9%）被评估为生长不良或濒临死亡，比例远高于野生树和栽培树。

古树正在无声消亡，它们身上的遗传密码是否独一无二、能否在其消失前被妥善保存，成为亟待厘清的问题。

古树来源多样，遗传背景各异

为厘清这些古树间的亲缘关系及水松的种群历史，研究团队首先为水松编制了高精度的“基因户口本”，组装了约 7.93 Gb 的染色体级别参考基因组，然后对采集的 147 株水松进行了全基因组重测序。这就好比为每棵树做了最细致的 DNA 鉴定，能够清晰揭示它们之间的亲疏远近。

结果出乎意料，这些外表相似的古树，其实来自截然不同的“家族”。采集自中国南方 6 个省份的 64 株古树的遗传来源并不相同。其中 38 株与附近现存野生种群关系较近，部分古树间甚至存在明显近亲关系。这暗示它们很可能是历史上从当地野生群体中引种栽培的，相当于“本地移栽的老前辈”。其余 26 株则与周围野生种群缺乏显著近缘关系，更像原有自然森林衰退后幸存的“原生遗老”。

种群遗传分析显示，现存水松主要分为两个高度分化的“大家族”——珠江谱系和闽江谱系，同时还有少数保留了大量祖先遗传多态性的“祖先-混合类群”。这两个主要谱系大约在 23 万年前就已分道扬镳，此后各自经历了漫长的种群萎缩，其中闽江谱系的衰退尤为严重。换句话说，水松古树并不是一个遗传背景均一的群体，有的出身“名门望族”，有的来自“没落分支”，还有的属于“混血后代”。

“既然背景不同，其遗传价值自然不能一概而论。”论文共同通讯作者康明对《中国科学报》表示。

比“年龄标签”更有价值的是“谱系身份”

如果古树的遗传价值不简单取决于年龄，那取决于什么？

研究团队进一步比较了不同类别水松的遗传多样性、杂合度、近交程度、纯化选择效力及有害突变负荷等关键指标。对 66 株无近亲关系个体的分析显示，古树、野生树和栽培树的核苷酸

多样性差异有限；而按遗传谱系划分时，差距显著拉开，相差近 6 倍。对全部 147 株个体及全基因组杂合度的分析结果与此一致。

换言之，谱系背景比“古树”这一身份更能决定一棵树基因的丰富程度。闽江谱系的水松无论是否为古树，均普遍表现出更严重的历史性近交、更低的遗传多样性和更高的有害突变负荷。这说明其长期遭受“遗传侵蚀”，基因库已相当贫弱。而祖先-混合类群的个体，即使树龄并非最老，也保留了更多宝贵的祖先变异。

“树龄只是时间标尺，种群历史才是决定基因组‘含金量’的深层因素。”章为平说。

那么，是否有一些古树携带了年轻个体没有的“独门秘方”？这正是评估古树不可替代性的关键。

研究团队仔细梳理了古树携带的遗传变异，并分析了这些变异在现有野生和栽培群体中是否还能找到。

结果显示，对于常见变异，无论野生群体、栽培群体还是二者合并，均能覆盖古树中 95% 以上的等位变异。也就是说，这些“大众化”的基因并不稀罕。但对于低频变异和极低频变异，情况大不相同。自然孑遗古树所携带的低频和极低频变异，被现有野生和栽培群体覆盖的比例分别仅为 35.6% 和 6.2%，意味着它们身上绝大部分稀有的“孤本基因”在年轻一代中已找不到副本。相比之下，历史引种古树因来源集中、亲缘相近，其稀有变异覆盖率高达 87.7% 和 57.7%，可替代性明显较强。

研究人员进一步通过稀释分析模拟了“某些古树消失”的遗传后果，发现若移除自然孑遗古树，或祖先-混合类群及珠江谱系中的古树，水松整体核苷酸多样性将下降 3.5% 至 15.1%；而移除其他类型古树的影响则微乎其微。以个体稀有保留指数衡量每棵古树的遗传独特性，得分最高的个体全部来自自然孑遗古树、祖先-混合类群或珠江谱系——它们才是真正无法被替代的遗传宝库。（下转第 2 版）

我国正抓紧制定新一轮 空气质量持续改善行动方案

据新华社电 生态环境部副部长徐必久表示，我国正在抓紧制定新一轮空气质量持续改善行动方案，也是第四个“大气十条”。他是在 8 月 13 日国务院新闻办公室举行的“开局起步‘十五五’”系列主题新闻发布会上介绍这一情况的。

徐必久介绍，党的十八大以来，我国先后印发实施三个“大气十条”，分别是 2013 年的《大气污染防治行动计划》、2018 年的《打赢蓝天保卫战三年行动计划》、2023 年的《空气质量持续改善行动计划》，推动我国空气质量明显改善。

数据显示，2025 年全国 PM2.5 浓度降到 28 微克 / 立方米，与 2013 年相比下降 59%，重污染天数比例降到 0.9%，是有监测以来的最好水平。

他说，当前，我国大气污染防治成效不充分、不稳固、不平衡的问题依然突出，空气质量改善仍然处于从“明显改善”向“全面改善”过渡的关键期。第四个“大气十条”将重点在“更高、更准、更科学”上下功夫。

标准要求更高。以 PM2.5 治理为

主线，以新修订的《环境空气质量标准》为引领，按照《美丽中国建设“十五五”规划》提出的空气质量改善目标，收严 PM2.5 浓度限值，并同步加严 PM10、二氧化硫、氮氧化物等其他污染物浓度限值。

分区施策更准。对于京津冀及周边、长三角和汾渭平原等三大重点区域，坚持方向不变、力度不减，将长江中游城市群、川渝地区、新疆“乌-昌-石”区域作为强化区域，对标重点区域进行全面治理，将粤港澳大湾区、福建、海南作为先行区域，对标世界一流水平，探索低浓度条件下的改善路径。

路径措施更科学。坚持结构转型和污染减排“两手抓”，持续推动产业、能源、交通运输结构优化调整，加强重点行业、领域、环节治理减排，谋划开展一批重点行动、实施一批重大工程，推动污染物排放持续下降；同时加强支撑保障，制修订相关污染物排放标准，创新财税、价格、金融、环保等差异化政策，推动空气质量持续改善。（高敬 魏弘毅）

研究实现量子存储器间 跨越 420 公里量子纠缠

本报讯（记者王敏）记者从中国科学技术大学获悉，该校潘建伟、包小辉、张强等与济南量子技术研究院、中国科学院上海微系统与技术研究所等单位的研究人员合作，在远距离量子中继研究中取得重要突破，成功实现两个冷原子量子存储器间跨越 420 公里光纤的量子纠缠，并在 230 公里以上距离突破无中继量子纠缠分发的理论极限。这一成果大幅延长了物质量子比特间的纠缠距离，为城际尺度量子网络构建奠定了基础。8 月 11 日，相关研究成果发表于《物理评论快报》。

量子存储器间的远距离纠缠是构建量子互联网的技术基础。拓展量子存储器间纠缠距离的关键在于提升纠缠成功率。为此，该团队多年来持续开展基于单光子干涉的纠缠连接研究，解决了长光纤相位锁定、独立激光器远程相位同步、高效率低噪声量子频率转换等技术难题。然而，将纠缠距离延长至几百公里，还需进一步降低信道传输损耗，提升单光子相位锁定的长期稳定性。

在该实验中，研究团队将量子存储器的波长由 795 纳米切换至 780 纳米，并更换量子频率转换方案，使信号光子能够匹配光纤的超低损耗传输窗口。在单光子锁相方面，他们发展了结合全时与分时的双波长三频相位锁定技术，大幅提升了超长光纤情形下光子锁相的长期稳定度。结合这两项新技术，研究人员在不同长度光纤链路下开展了双节点纠缠实验研究。实验发现，直至 420 公里，来自两个冷原子量子存储器的出射光子仍能保持稳定的单光子干涉，存储器间的量子纠缠也得到了直接验证。

该实验不仅实现了存储器间纠缠距离的大幅延长，也在纠缠分发成功率上取得重要突破。直接纠缠分发的成功率与整个信道的传输效率成正比，而该实验采用单光子干涉进行纠缠连接，因此纠缠成功率仅与一半信道的传输效率成正比，所以在远距离情形（230 公里以上）下可以突破量子纠缠直接分发的理论界限。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1103/ccd6-rft1>

陈卫忠： 以科技创新为重大工程铸盾

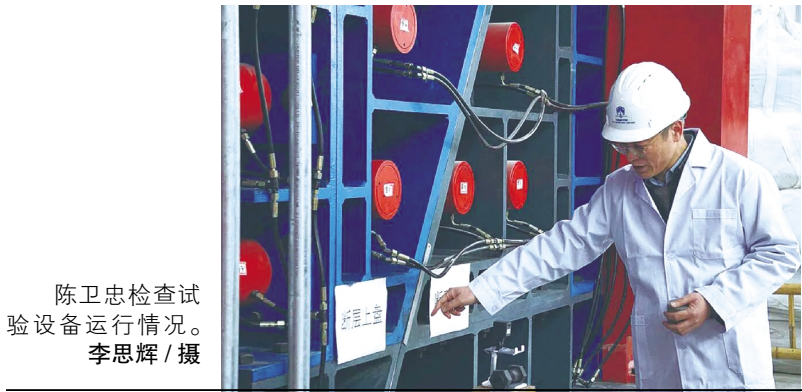
■本报记者 李思辉 实习生 王悟诚



8 月 12 日，国产大飞机 C919 开启首次国际商业载客飞行——国航北京至蒙古国首都乌兰巴托航线。该航线将每日执行一班往返，是 C919 首条常态化国际商业客运航线，标志着国产大飞机正式飞出国门，进入国际民航市场。

图为国航编号 B-919Y 的 C919 客机在北京首都国际机场滑行。

图片来源：视觉中国



陈卫忠检查试验设备运行情况。
李思辉 / 摄

岩层深处的高地应力、断裂带的错动、冻融循环的反复作用、隧道长期运营中的细微变化等，是重大工程建设中需要直面的难题。

30 多年来，中国科学院武汉岩土力学研究所（以下简称武汉岩土所）总工程师、研究员陈卫忠带领团队围绕地下工程安全开展深入研究，相关成果已应用于沪蓉西高速、宜巴高速、武汉长江隧道、南京扬子江隧道、胶州湾第二海底隧道、西藏嘎隆拉隧道、天山胜利隧道等重大工程，发挥了重要的科技支撑作用。

今年，陈卫忠获得全国五一劳动奖章。他告诉《中国科学报》，这不仅是个人的荣誉，更是对武汉岩土所广大一线科研工作者的长期坚守的肯定。

作出科学判断，才是最大的挑战

西藏墨脱县曾因没有公路被称为“高原孤岛”。墨脱公路于 1975 年动工，但多次因自然灾害被破坏，直到 2013 年嘎隆拉隧道通车才改建成功。墨脱公路嘎隆拉隧道是我国首条跨越两个气候带地区、在现代冰川上修建的隧道，陈卫忠带领团队负责为工程建设提供技术支撑。

2009 年，陈卫忠团队抵达嘎隆拉隧道建设现场，那时进山并不容易。陈卫忠回忆，通往工地的路很难走，塌方后，有些路段临时用木头支撑起来。车开过去，回头看一眼，都会让人心里发紧。团队十几个人在西藏工

作，有人一待就是一两个月。平时住在县城，夏季就住在工地旁边。一下雨，山上又冷又湿，人容易出现高原反应、头晕等症状。

比自然条件艰苦更具挑战性的是在现场作出科学判断。高寒地区隧道最怕的不是低温本身，而是冻融循环带来的长期影响。那里地质条件复杂，气候环境特殊，冰川灾害、高寒冻融、高海拔等因素叠加在一起，给隧道建设带来巨大挑战。

隧道该如何保温，保温层多厚、设置多长，都需要长时间观测和计算。陈卫忠打了个比喻：人冷了要穿衣服，隧道在寒区也需要“穿衣服”。

目前，墨脱县有了安全、快速的公路和隧道，告别了“孤岛”的历史。陈卫忠团队在这条隧道的修建中首次提出强震区泡沫混凝土吸能减震技术，为工程建设提供了重要的技术支持。

凭借数十年参与墨脱公路嘎隆拉隧道、新疆 ABH 输水隧洞以及巴基斯坦 SK 水电站等工程建设的经验，该团队建立了一套成熟的隧道结构安全监测系统，能够动态监测隧道运行情况。相关技术成果获得国家科学技术进步奖二等奖。（下转第 2 版）

科苑星光
科技铸辉煌

新型反刍动物病毒在西欧牛群中蔓延



寰球眼

本报讯 据《科学》报道，来自法国和德国的研究团队找到了近期导致西欧牛群发病的元凶——一种可能由蚊传播的此前从未在欧洲出现过病毒。这是过去 5 年来抵达欧洲的若干种此类病毒中最新的一种。

今年 6 月，瑞士和德国南部的农民注意到饲养的奶牛精神萎靡、腹泻、产奶量低于正常水平。起初人们以为这可能是席卷欧洲的热浪造成的影响，但随着越来越多的农场牛群遭殃，研究人员开始寻找背后真正的原因。

在通过标准检测排除了几个可疑病原后，德国弗里德里希·勒夫勒研究院（FLI）和法国国家农业食品与环境研

究院的团队发现了一种新病毒。

该病毒属于正布尼亚病毒的大类群，可引起多种牲畜疾病以及少数人类疾病，如奥罗普切热。它与沙门达病毒的亲缘关系最近，基因组相似度超过 90%。沙门达病毒是一种由蚊传播的病原体，1965 年首次从尼日利亚的牛体内分离得到，此后在整个非洲以及日本都曾发现。

“现在我们必须迅速开展工作，以增进对这种病毒的了解，并开发新的工具来研究正在发生的情况。”领导法国研究团队测序工作的图卢兹国立兽医学校的 Jean-Luc Guerin 说。

由于该病毒与国际基因组数据库中的任何沙门达病毒毒株都不匹配，研究人员暂称其为“类沙门达病毒”。它最终可能被归类为沙门达病毒的一个变种。

这种情况似曾相识。2011 年，FLI 的

研究人员发现了一种与沙门达病毒密切相关的病毒。后者导致德国奶牛发热、腹泻和产奶量下降。他们以发现首例病例的小镇为该病毒命名，称其为施马伦贝格病毒。该病毒迅速席卷欧洲各地的牛、山羊和绵羊群，并很快导致妊娠早期被感染的动物产生大量死胎和畸形胎。该病毒现已在欧洲扎根，仍会引发较小规模的疫情。

FLI 的兽医病毒学家 Martin Beer 说，此次发现的新病毒很可能也会在欧洲扎根。“这种病毒正在畜群中快速传播，一旦在当地传播开来，就无法根除。”

目前，该病毒源自何处、如何传入西欧仍不清楚。Beer 说，最可能的情况是一只感染该病毒的蚊被飞机携带入境，之后高温帮助病毒“站稳脚跟”。研究表明，吸血后，高温可帮助病毒从蚊的肠道进入其唾液腺，从而

感染其他动物。

Beer 指出，近年来已有数种由蚊传播的反刍动物病毒传入欧洲。随着全球养殖的反刍动物规模持续扩大，这类病毒也会越来越多。“全球化助其传播，而高温助其‘生根发芽’。”（徐锐）



在牛舍里进食的奶牛。

图片来源：PHILIPP VON DITFURTH