

单细胞生物进化研究的进步

胡 楷, 吴庆书

(海南大学 热带生物研究中心, 海南 海口 570228)

摘要:20世纪60年代,生物大致分为5界的谱系图,经历了几次翻新,开始提出了线粒体和叶绿体的内共生学说。由于分子生物学的发展,首先将各种生物的蛋白质的分子进行比较,构建成蛋白质的分子系统树。再转向核糖核酸,将核糖体的小亚单位,作为区别生命类型之间亲缘关系的指标。发现有些嗜极端条件的细菌,它们不同于原核生物也不同于真核生物,是第三种类型的生命形式。因此,在80年代为生命建立了细菌、古细菌和真核生物三界的系统树。对许许多多单个基因的系统树的分析,又使人们认识到,古细菌与细菌和真核微生物之间以及各个物种之间,显然皆发生过大量的基因交换。对单细胞进化来说,基因除垂直传递外,横向的或叫侧向的基因转移也十分繁多。在一张完全的系统图中,要同时表现几千个不同的基因家族的超联结的种系型式才符合实际。因而,最新版本的系统树是分枝交缠、无主干的。

关键词:进化;单细胞;系统树

中图分类号:Q111 **文献标识码:**A

文章编号:0253-9772(2002)01-0104-07

The Basic Outline of the Evolution of Single Cell Life—form

HU Kai, WU Qing-shu

(Hainan University, The Tropical Biology Center, Haikou, Hainan, 570028, China)

Abstract: In 1960s, kingdoms of organisms were charted generally in a five branching form. Later, the endosymbiont hypothesis for the mitochondria and the chloroplast was proposed. The life—form is divided into two forms, the prokaryotes (bacteria) and the eukaryotes. The study of the molecular biology made the progress faster. In 1980s, Woese, CR, asserted that two—domain view of life was no longer true, a three—domain construct, the Bacteria, the Archaea, and the Eukaryotes had to take its place. At first, phylogeny trees based on differences in the amino acid sequences, then among ribosomal RNAs and also nuclear gene from hundreds of microbial species were depicted and many mini phylogenetic trees grouped the species according to their differences in the sequences. It was found that they shared genes between their contemporaries and across the species barriers. At the root of the phylogeny tree, there was not a single common cell, it was replaced by a common ancestral community of primitive cells. Genes transferred rather freely as the transposons swapping between those cells. There was no last universal common ancestor of single cell that could be found in the revised Tree of Life. It was not easy to represent the genealogical patterns of thousands of different families of genes, in one systematic map, therefore there was no trunk at all.

Key words: microbial evolution; phylogeny tree; common ancestor

一个多世纪前,达尔文认为物种是由一个共同祖先进化而来。现在已经把这个概念画成一棵现代的系统树,在主干的基部,生物的共同祖先并没有具体化,时间大约在35~38亿年前。分子生物学发展得很快,只在前几年,曾对这张图所代表的学说提出了多次的挑战,甚至要将基部的主干改

掉。本文将讨论这张图的翻新,以及在各个主要环节上的理论变迁和进步的经过。

1 原核、真核

35年前,即20世纪60年代,建立了第一棵现代的生命

收稿日期:2001-01-02; **修回日期:**2001-8-27

作者简介:胡楷(1932-),女,教授,专业方向:遗传进化。电话:0898-6258235(家),0898-6258112~2441(办); E-mail: kaihu@public.hk.hi.cn, 吴庆书 电脑制图。

之树 (universal tree of life)。我们常常可以看到一幅大致分为五界的生物谱系图。这个概念是魏泰克 (RH Whittaker) 主要根据获得能量的型式而首创并绘制的。该图将生物分为 5 个界, 3 个阶 (level)。五界指行自养的植物 (包括藻类) 行异养的真菌、动物 (包括单细胞真核原生动植物) 及细菌和蓝绿藻。三阶: 即原核生物、单细胞真核生物及多细胞生物。在原核生物中, 又分为两大类, 即细菌 (bacteria) 与蓝细菌 (蓝绿藻, cyanobacteria)。这张图代表了 1980 年以前的认识^[1]。

以前的技术水平, 对显微镜下的单细胞生物, 能提供解决其亲缘关系的信息很少。故而, 微生物缺少清晰的种系发生 (phylogeny) 之树。生命起源于 30 亿年以前, 当时地球的年龄仅十亿多年。在地球的历史中, 单细胞生物作为最早的、惟一的居民, 生活在长久的地质年代中, 约占地球总年龄的 $1/2 \sim 2/3$ 。它们的进化发展最慢。

前寒武纪, 有两件大事。一是产生光合生化机制, 大气于 20 亿年以前才变为富含氧的。二是细胞核的进化。因此, 真核生物出现在 15 亿年以前。当时, 根据细胞的有核与无核 (无核指只有 DNA, 不具核膜, 可以将生物分为二类: 原核生物 (prokaryote) 与真核生物 (eukaryote)。其实, 原核生物只是细菌的同义语^[2]。

当时, 无法进一步弄清细胞某些结构和功能上的新事物, 细胞是从何而来的? 又是如何变得更大、更复杂的?

2 内共生学说

1967 年, 美国波士顿大学的马古利斯 (L Margulis) 提出了线粒体和叶绿体的共生 (symbiosis) 形成学说。她认为真核细胞的线粒体和叶绿体, 都是由于原核细胞吞噬了行自由生活的细菌及蓝细菌, 到细胞之内没有被消化掉, 存活下来, 逐渐发展成为共生性质, 最后成为细胞器。因此, 它们至今还保留了一些它们自己的基因。这就是细胞器的起源的学说^[3]。

但是, 原核细胞要发展到能进行吞噬和改细胞外消化为细胞内消化, 至少需要十亿年时间。古代的嫌氧原核生物先失去其细胞壁, 细胞膜生长并内褶, 形成了细胞膜和核膜, 有了溶酶体。细胞要维持其立体形状, 细胞骨骼其实是很重要的。它的框架建筑结构是由三级建材自我装配而成, 具有内部的稳定性^[4]。这才便利细胞的内部活动和改变局部形状而移动。细胞也要有一定的大小, 才足以吞进其他原核生物作为食物, 这包括了未来的线粒体和叶绿体等^[5]。

有一种呼吸机能特别卓越的叫 α -蛋白质细菌 (α -proteobacteria, proteo 是蛋白质 protein 的意思, 并非 proto, 暂译为: 蛋白质细菌) 的细菌, 它是线粒体的前身。它为寄主提供呼吸, 氧化食物而得 ATP 形式的能量。成为内共生后, 就丢失其独立生活用的基因, 也转移了一些它自己的基因给寄主。相似的过程使蓝细菌变为了真核单细胞生物的叶绿体。真核生物就这样产生了。1981 年马古利斯的著作《在细胞进化中的共生学说: 地球早期的生命与环境》叙述了这个

学说。这个学说后来为大家所接受, 被称为: 内共生 (endosymbiosis) 学说。后来, 认为与氧化代谢有关的微粒体 (peroxisomes) 也是这样形成的。真核的进化是单细胞进化的一个非常重要的、划时代的里程碑。

3 蛋白质分子系统树

1950 年解决了 DNA 的分子结构。到 20 世纪 60 年代中期, 能用新的分子生物学方法, 把各种生物的基因和蛋白质的分子排列顺序确定下来, 再进行比较, 依它们的差异程度如氨基酸的置换多少, 来做系统树, 就可以重建现今物种过去的进化。这种方法就称为: 分子种系发生 (molecular phylogeny) 法。35 年前的技术水平, 只能确定蛋白质的氨基酸的排列顺序, 尚不能确定基因的核苷酸排列顺序。因此, 在 20 世纪 60~70 年代, 用细胞色素 c 等做了许多大类群的分子系统树。这种分子系统树的新特点是: 在进化研究的对比中, 可以包括全部高、底等有机体, 即使发展水平相差很远的生物, 如人和酵母之间, 也可以将它们的蛋白质序列进行比较, 这是前所未有的成就。

4 第三种生命——嗜极端条件的古细菌的确定

分子生物学方法继续发展, 美国伊利诺伊大学的吴斯 (CR Woese), 首先将注意力转向核糖体的小亚单位 (SSU simple sub unit), 16S 的 RNA 核糖体是细胞中生产蛋白质的“工厂”^[6]。小亚单位的 RNA 是核糖体的关键组成, 它是基因的编码部分, 较为稳定。因此, 它们是区别生命类型之间亲缘系关系的可靠指标。吴斯把它变成了确定进化距离的新标记。当时, 大多数人都在做蛋白质, 做核糖核酸的技术还很有限。吴斯将 SSU rRNA 提取出来, 用酶将所有的 G 都切开, 把 rRNA 切成很小的片段, 约 6~20 个核苷酸长, 在胶片上显示出斑点来, 他对着这些胶片, 对比那些斑点的形态、次数等…。他从中终于得出了结论: 各种细菌之间有不同的型式 (pattern) 的斑点, 并将它们分类排列。他当时得到了 60 种细菌的数据。

吴斯的早期数据支持原核与真核生物的区别。在典型的细菌之间, 它们的 SSU rRNA 在彼此之间比与真核生物之间更相似。故而, rRNA 的结果与已有的、被广为接受的概念相符。以后又发生了与传统观念不吻合之处, 便使分子进化研究又向前推进了一步。

吴斯研究 8 种产甲烷的“细菌”, 对比之下, 排列出它们之间的遗传相似性。他发现这类微生物的 rRNA 完全没有细菌的特征。它们的 rRNA 既不同于细菌又不同于真核生物。在原核生物中, 确定亲缘关系时, 形态学的方法是无用的。这些嗜极端条件的细菌, 从遗传上看来完全是另外的一个种类。事实上, 这些物种的 rRNA 证据说明, 它们在种系上早就与细菌分开了。它们是第三种类型的生命形式。到 1970 年底, 历经十年吴斯积累了足够的资料, 他认为将生命

分为原核、真核生物二界已不再可行,必需建立:细菌、古细菌(archaea, achaeobacteria)和真核生物三界^[7,8,9]。

早就知道有许多物种具有很不同寻常的习性,它们生活在无法想象生物能够生存的恶劣环境之中,因而叫做嗜极端者(extremophiles)^[10]。像生活在南极,几千米、甚至超过万米深的洋底裂隙、热泉、火山口,近沸点的水中,高温、高压(水的压力)、极高或极低的 pH 值;极冷、无氧、黑暗(无直接或间接的阳光)之处的物种。属于 Crenarchaeota 中的 *Pyrolobus fumaris* 生长在 113°C 的热水中。像杨氏产甲烷球菌(*Methanococcus jannaschii*)一样,都不以有机碳作为食物源,靠隙口释出的 CO₂ H₂N₂HS 等为生,释放出甲烷。但那时无人对它们作为细菌提出不同的意见。现在吴斯主张它们是生命的第三支类群——古细菌,古细菌不同于细菌,有如细菌不同于真核生物一样。

吴斯的工作,不只是发现了一个意料之外的谱系的细菌分类的问题。而且(1)基因分子分析结束了微生物分类上的黑暗时代,进入了一个新的单基因系统树的时代。(2)完

成了一个有重大改革的三界的生命之树。(3)彻底影响到生命起源的研究和学说。现在认为最早的生命是这种嗜极端型式的生命,因为它嗜极端的环境,故而可以在类似早期地球条件的火星、土星或陨石中找到它们。最早的生命应以无机物维持生活(lithotrophy),光合和有机物营养(organotrophy)机制的进化应该在其后。(4)它也改变了生物多样性的概念,生物多样性不是在雨林或珊瑚礁,而是在深海海底^[11]。从种类上,微生物是最多、最丰富的、尚未发掘出来的生物。从生物量上,微生物是地球上维持最大的地球圈生态系统中最重要的一环。真核生物不过是一个分支而已,从整个生物界着眼,应改变以人类为中心的观点。(图 1 三界的系统树)开始,吴斯的观点遭到了微生物学界权威人士强烈的反对,特别是由于吴斯是研究物理和生物物理学的。然而,由于古细菌物种的某些分子的全部结构,很符合三界的安排。最后,绝大多数人都信服了。核糖体小亚单位成了“通用的分子纪年器”。吴斯后来得到了微生物学的最高奖——刘文虎克(Leeuwenhoek)奖。

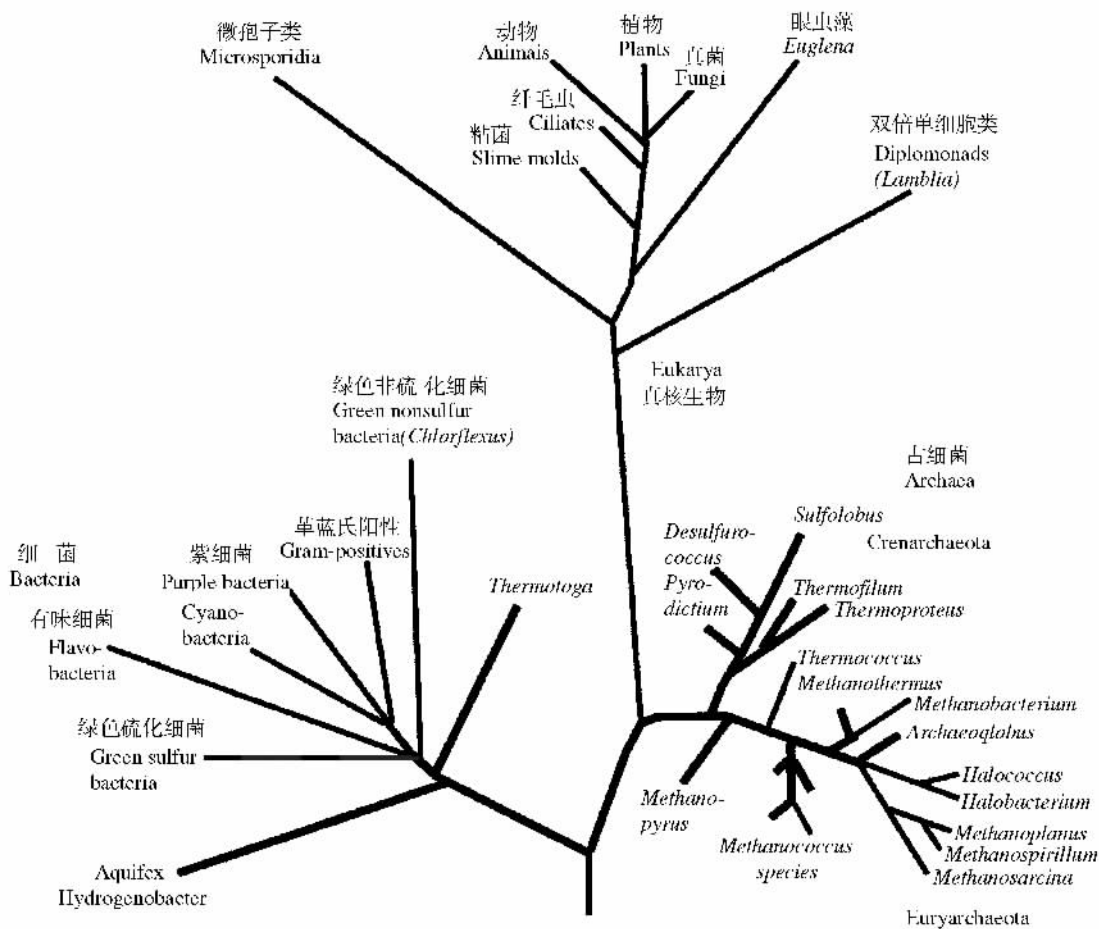


图 1 三界的系统树(依 Woese, C R. 1997, 彩色改黑白)

Fig. 1 Universal phylogenetic tree with three branches off

这种嗜极端条件的微生物,它们在工业的应用上有很大潜力和经济价值,世界各国都在积极研究。在美国的黄石公园已经研究了 30 年^[12],开发出几种产品,提出了多种特别的酶制剂。如:洗衣粉添加剂纤维素 103,能在高温的肥皂水中不失去活力,脱去棉布污垢如新;在冷水中除去油脂的酶等。有的具有生物降解石油或废物所产生的毒素的能力,古细菌则在无氧条件下可将铁变成锈等。它们在造纸、污水处理上的应用前景是广阔的^[11]。

接受了三界说后,人们自然要知道是细菌还是古细菌更原始?真核生物又从何者产生?用比较 SSU rRNA 的方法,

可以指出哪些有机体之间的亲缘关系更为相近。但比较 SSU rRNA 的方法,不能指出彼此之间谁更古老些?或谁更接近系统树的根部?以后有很多研究工作的发表,使这种亲疏关系的推论增加了可信度。

5 单个基因的系统树的分析

从研究 SSU rRNA 基因的进化系统树开始,至今已积累有数千个物种的 rRNA 序列的资料。这种资料的积累,大大有助于 1980 年以后,在系统树上取得一致的意见^[13],如:图 2,是研究了 600 个物种的核糖体 rRNA 后得出的系统树。

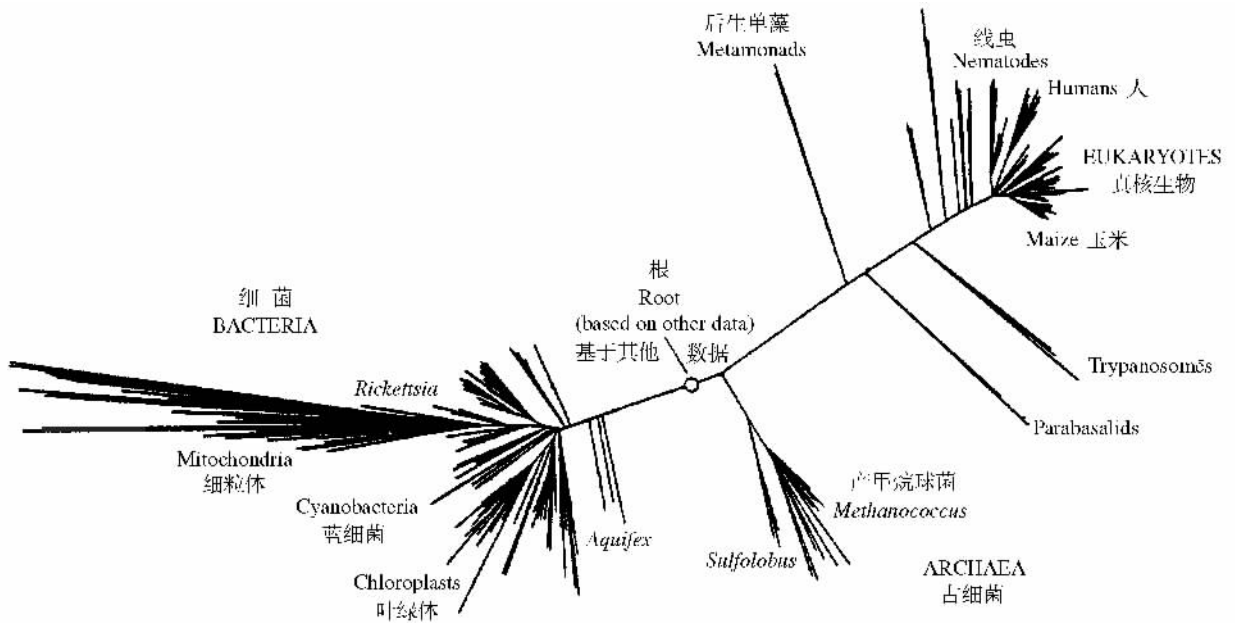


图 2 核糖体 rRNA 系统树,600 个物种 (依 Doolittle, W F. 2000)

Fig. 2 Phylogenetic Tree of ribosomal RNAs (rRNAs) from almost 600 species

古细菌的细胞膜由一种独特的脂类组成。这种脂的化学结构与生理上的特性和细菌的全然不同。同样,古细菌的一种蛋白质的结构,与细菌中担负同样任务的蛋白质也有明显的不同。而蛋白质的形成是经过基因转录和翻译而成的。生物化学家发现古细菌的 RNA 聚合酶,这种进行基因转录的酶,在其结构、序列及其与 DNA 的相互作用的性质上,也与真核生物的更为相似。古细菌的翻译信使 RNA 的核糖体蛋白质的组成,也更与真核生物的相似。

从 1989 年开始,很多发现支持上述推论。在过去 5 年,又有 6 种古细菌和 15 种以上的细菌其全部基因组序列都被测出来了。对这些基因组的比较,更巩固了先前的建议,即在古细菌和真核生物二领域之间,许多与转录和翻译有关的基因更相近。细菌开始转录时用 sigma 因子,真核生物和古细菌用 TaTa—bing 蛋白。更进一步,虽然古细菌无核,但在某些实验条件下,它们的染色体可呈“一根链上的珠子”的结

构。DNA 和组蛋白结合在一起,类似真核生物的染色体,染色体是真核生物的标准形式。古细菌的染色体与染色体有关的一组蛋白质的复制有关,只可在真核生物中找到,而在细菌之中是没有的。

基于以上奇迹般地积累起的众多表现一致性的数据,产生了现在为大家接受的系统树。这个系统树指出:生命的第一次分支为细菌和古细菌。真核生物从与古细菌相似的前体发展而来,随后又两次从细菌获取基因,从 α -蛋白质细菌得到线粒体,从蓝细菌得到叶绿体(图 3 具单细胞最早共同祖先的生物系统树)。

开始时 rRNA 的发现,对细胞进化生物学——内共生学说这令人最感兴趣的概念也给予了支持。今日的真核生物中的叶绿体和线粒体仍然各自持有小数目自己的基因,包括为 SSU rRNA 编码的基因。后来,研究者仍想用 SSU rRNA 的办法来看看这些 rRNA 基因是否如内共生学说所

预期的那样是从 α -蛋白质细菌或蓝细菌的遗传而来的。结果发现:真核生物的基因不只从古细菌而来,也有很多来自

细菌,也不只与呼吸和光合有关。这个结果对当时和谐一致的观点,带来了一个异议,这就是说科学又要向前跨出一步。

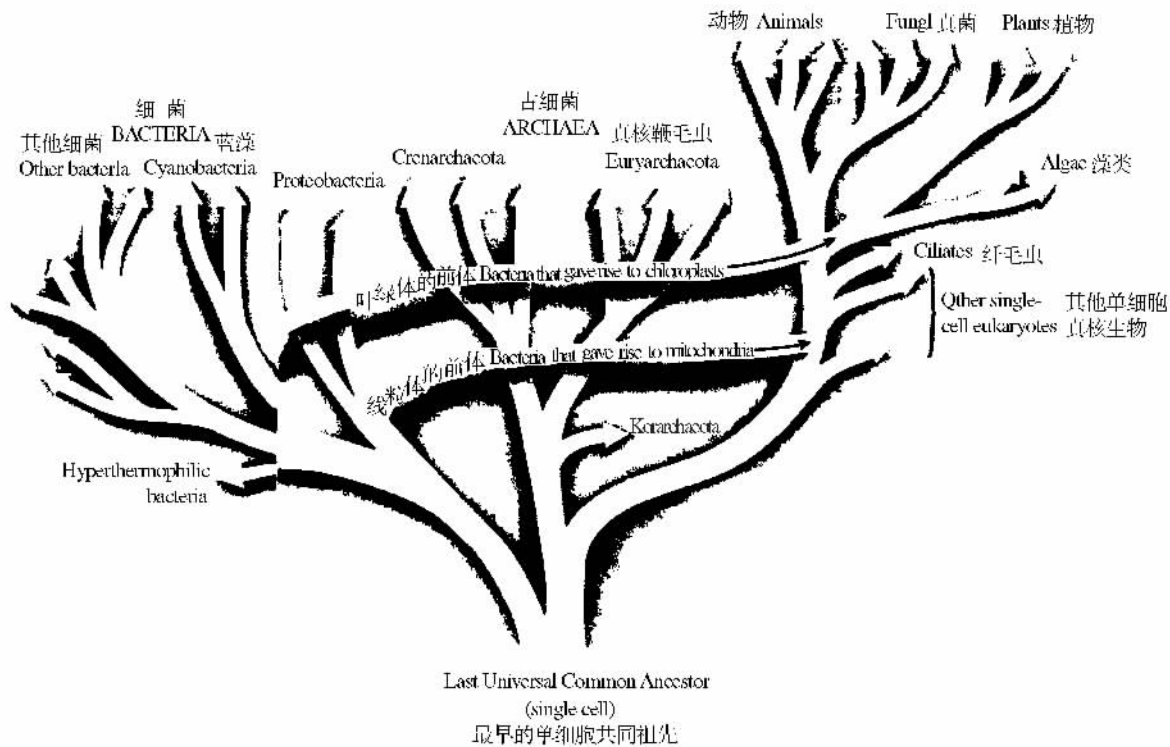


图3 具单细胞最早共同祖先的生物系统树 (依 Dolittle, W F. 2000)

Fig. 3 Universal tree of Life with early common ancestor (single cell)

6 基因的横向或侧向转移

分子生物学技术的发展,使细菌的整个基因组的 DNA 序列,做起来越来越容易。数据积累多了,在详细的比较基因后,疑点又重新出现了,大家对已有的信条又产生了争议。如果大家一致同意的系统树是正确的话,那么应该预期真核生物只能从 α -蛋白质细菌和蓝细菌的前体一处得到 DNA。以这样方式转过来的基因,应当只有与呼吸和光合有关。然而发现,这种预期不对。真核生物的核基因也常从细菌得来,而非只是从古细菌处得来。而且有相当数量的细菌基因并非与呼吸、光合过程有关,而是与对细胞生存非常重要的转录和翻译有关的。这是为什么?

我们看到,许多古细菌具有相当数量的细菌基因。其中一例是: *Archaeoglobus fulgidus*。它的基因与古细菌的一切标准都相符合,细胞膜上的脂及基因的转录、翻译机制都是一样的。但它却用细菌形式的还原酶 HMGCoA 合成膜上的脂。它还有一些其他的细菌基因,如获取能量和营养的基因,帮助它在它所嗜好的极端生境、地下油井中得到营养。有些古细菌的代谢基因既像细菌,又有些是准确无误的真核生物的特性,又有些有自己的独特性,可谓是基因组的互相

混杂性(intermixing of genome)的产物^[14]。

为什么会有这样的变型和扭曲的结果呢?最合理的解释是进化的形式并非如达尔文所想象的,总是线形或树形的。虽则,基因垂直传递,但对单细胞进化来说,这并非是惟一重要的过程;其他过程,如横向的(horizontal transfer)或叫侧向的基因转移,也十分猖獗。

其实,微生物学家早就知道细菌存在横向交换基因的例子^[10]。一些致病细菌可以同时具有几种抗生素的抵抗因子,就是由于基因的交换造成的。但对生存如此重要的基因,也可以这样地频繁地换手?或侧向转移?则无人做过这种假设。也没有料到它们会对微生物早期的历史影响如此之大。

转座子是最早于 20 世纪 40 年代时在玉米中被发现,在细菌中的最容易研究确定。后来发现在所有生物包括人类在内,都有转座子的活动。转座子有两种:转座子(transposon)和逆转座子(retrotransposon)^[15,16]。这些基因组移动子(genomic mobile elements, transposable elements)可以造成基因组重新建构,使基因组成为动态的(dynamic genome)。转移可以造成很严重的后果,但也对进化有利。特别是在这种转移中,能打破物种的障碍,使基因在种间转移。而且单个基因或一整套基因都可以转移。

转移可以在通过接合时随质粒的转移,以及转化、转导和转座子造成的转移。它可以使基因组扩大(垃圾 DNA),使基因组的大小与物种的复杂性不相符,也可以使基因组紧缩(DNA 丢失)。这种基因组的流动性 (genome fluidity) 在进化的历史中被大大地忽视了。

除线粒体和叶绿体外,真核生物从细菌中还可以获取其他基因,如果有用,它就保持在体内变为自己的。侧向的基因转移,可以解释为何真核生物既从古细菌发展而来,又带了这么多的,对代谢很重要的细菌的基因。同样也可以解释为何不同的古细菌,又都持有通常在细菌中的基因。

7 最新版本的分枝交缠、无主干的系统树

侧向转移的发现,在系统树上要作哪些改变? 第一,在生命树上,从古细菌到真核生物简单地延伸是太简单化了,

是错的。真核生物不只是从古细菌来,而是从某个前体发展来的,该前体经过多次的横向转移,成为部分细菌,部分古细菌,甚至部分其他的东西,有人假设曾存在过提供细胞骨骼等的第四种生命呢。

真核生物的线粒体来自蛋白质细菌,叶绿体来自蓝细菌,这是对的,但如果说,只有这些,再没有其他任何基因的侧向转移,这样说就有危险了。只到生命发展很晚期时,生殖细胞独立并受到保护时,多细胞真核生物横向的基因交换,才具有了一些限制。这就是说在原核生物之间的关系上太简单化了,似乎不符合实际。大量的基因数据的对比证明,古细菌与细菌之间,古细菌之内和细菌之内、各个物种之间,显然皆发生过大量的基因交换。我们必需承认任何系统树,再好也只是基于一个有机体的一部分的基因组的进化历史来描述的,不可能是全部^[17]。

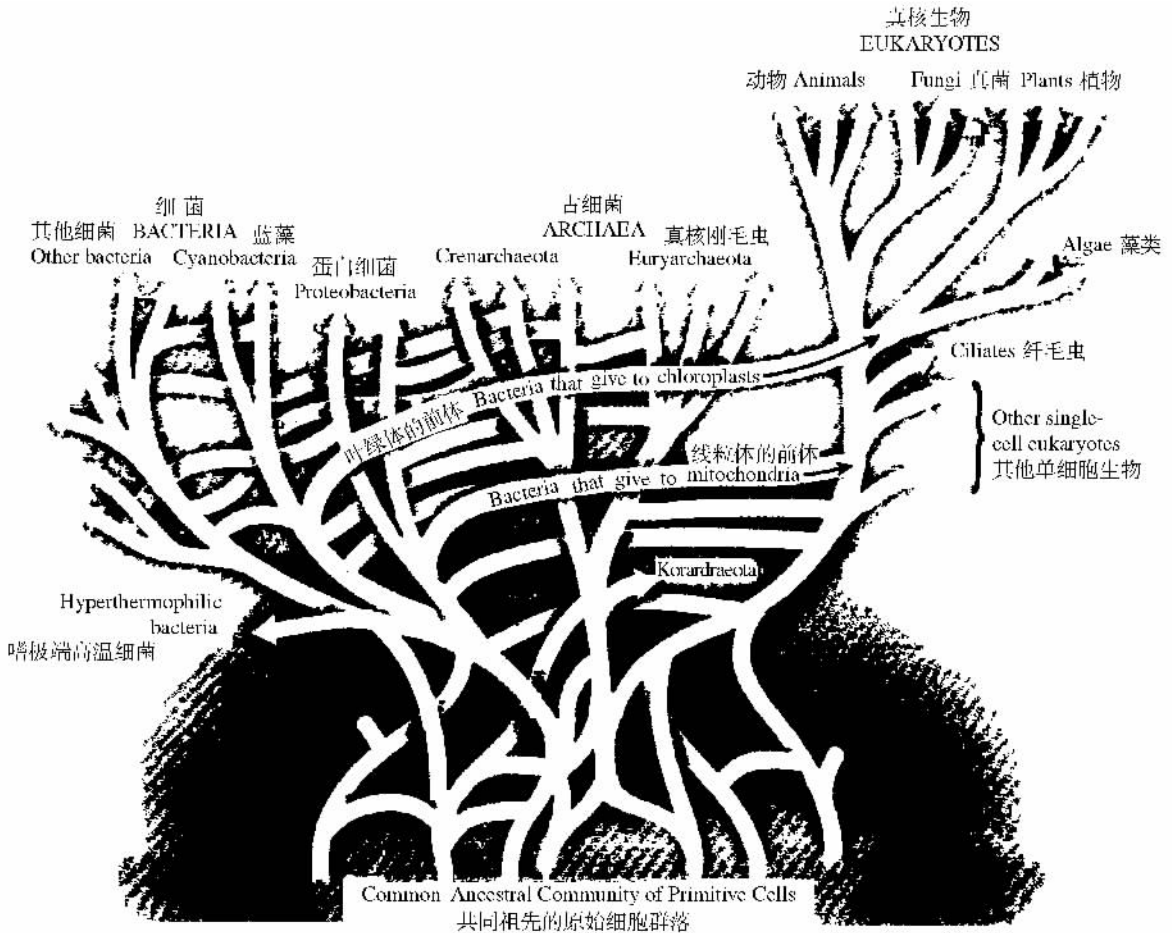


图 4 无主干系统树 (依 Doolittle, W F. 2000)

Fig. 4 Universal Tree of Life with Common Ancestral Community

系统树往往是过简单化了的描述。那么,真实的模型该是甚么样子的呢? 在这棵树的顶部应该是树状分枝的,这对高等动、植物,真菌还可以继续适合。涉及真核生物的产生,线粒体和叶绿体是从细菌而来的,还包括了其他基因的转移,

图上要表现出主枝间有许多交叉着的枝。在现代细菌和古细菌二枝之下,还应该有许多许多交叉的分枝。深入到原核生物领域,也许在真核生物以下,是找不出一支主干来的,否则就是太人为了。但是,这个经过更新的图,虽然看来已很复

杂了,但也许还会因为太简单而误导人。因为交叉的分枝,通常不是代表整个基因组的联结,只不过是单个或多个基因的交叉而已,如 rRNA 基因,只不过是一个基因族。一张完全的图中,要同时表现几千个不同的基因家族(gene family)的超联结的种系型式。如果,未发生过任何侧向转移,由单个的基因画的树都会有一个相同的分支次序型式。而在每棵树的根部的基因,都应集体表现在全体生物的最早的祖先的基因组中,是吗?但实际并非如此,转移是很多的,单个基因树是各不相同的。虽则,型式可以有部分相同,但从来不曾发现过一个单个细胞可以称之为:全体生物的最早的共同祖先。

因此,吴斯写道:我们说共同祖先,不可能指一个具体的个体成为单个的祖系。最早的许多原始单细胞,它们密集成群,又各自具有有点不同的基因。这样一个松散的单位,交换基因很自由。因此,同代的细胞间,彼此相互提供其所有。最终,从这一群,演变成了三个今日所见的基本群。这三个群是可以区分的,因为到那时,基因主要就只在各自的群内发生转移了。见图 4,这棵无主幹的系统树是最近的,新版本系统树^[17]。

有些生物学家对上述见解,感到令人思路混乱和气馁,似乎我们在完成达尔文交给的任务中,在寻找单棵树的型式的生命之树中失败了。但科学只能客观地该怎么着就怎么着。收集基因序列及其分析数据显示:建立单棵树模式的分子种系是太简单了。酝酿着的、新的假设正呼之欲出,最后这棵树是何种型式?我们尚不知道呢!

细菌、蓝绿藻都可以在化石中找到,现在,化石研究也进入了分子水平,可以从陨石、页岩、古土壤中,分析出微生物化石的分子,一般认为生命的起源将大大提前,最早的生命类型是 RNA 分子^[18]。

参 考 文 献 (References):

- [1] Valentine J W. The Evolution of Multicellular Plants and Animals[J]. Sci Amer, 1978, 239(3): 140~158.
- [2] Schopf J W. The Evolution of the Earliest Cells[J]. Sci Amer, 1978, 239(3): 111~138.
- [3] Alberts B, et al. Molecular Biology of the Cell[M]. NY, London, Garland Pub, 1983, pp. 1146.
- [4] Ingber D E. The Architecture of Life[J]. Sci Amer, 1998, Jan, 48~53.
- [5] Duve C de. The Birth of complex Cells[J]. Sci Amer, 1996, Apr, 50~57.
- [6] Woese C R. Archaeobacteria[J]. SciAmer, 1981, 244(6): 98~122.
- [7] Servic R F. Microbiologists Explore Life's Rich, Hidden Kingdoms[J]. Sci, 1997, 275: 1740~1742.
- [8] Morell V. Microbiology's Scarred Revolutionary[J]. Sci, 1997, 276: 699~702.
- [9] Morell V. Tracing the Mother of All Cell[J]. Sci, 1997, 276: 700.
- [10] Kerr R V. Life Goes to Extremes in the Deep Earth and Elsewhere [J]. Sci, 1997, 276: 703~704.
- [11] Pennisi E. In Industry, Extremophiles Begin to Make Their Mark[J]. Sci, 1997, 276: 705~706.
- [12] Pace N R. A Molecular view of Microbial Diversity and the Biosphere[J]. Sci, 1997, 276: 734~739.
- [13] Doolittle W F. Phylogenetic Classification and the Universal Tree[J]. Sci, 1999, 284: 2124~2128.
- [14] Moffat A S. Transposons Help Sculpt a Dynamic Genome[J]. Sci, 2000, 289: 1455~1457.
- [15] Kazazian jr. H H. L1 Retrotransposons Shape the Mammalian Genome[J]. Sci, 2000, 289: 1152~1153.
- [16] Miller R V. Bacterial Gene Swapping in Nature[J]. Sci Amer, 1998, Jan, 47~51.
- [17] Doolittle W R. Uprooting the Tree of Life[J]Sci Amer, 2000, Feb, 90~95.
- [18] Brocks J J, et al. Archean Molecular Fossils and the Early Rice of Eukaryotes[J]. Sci, 1999, 285: 1033~1036.

《遗传》杂志影响因子大幅提升

【本刊讯】由中国科学技术信息研究所发布的 2001 年版《中国科技期刊引证报告》现已出版。该报告根据 1411 种科技期刊的统计资料,报告了各刊的总被引频次、影响因子、即年指标、发表时滞、基金论文比等数据。《遗传》杂志的各项指标大幅提升,总被引频次由上年的 323 次上升到 378 次,排名仍为第 178 位;影响因子由上年的 0.283 上升到 0.461,排名由第 311 位上升到第 175 位。在榜上 44 种生物学期刊中,总被引频次由上年的第 17 位上升到第 15 位,影响因子由上年的第 24 位上升到第 10 位。

2001 年前 10 位中文生物学期刊引证报告表

| 位次 | 刊名 | 影响因子 | 总被引频次 | 基金论文比 | 发表时滞 |
|----|-------------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | 植物学报 | 0.823 | 1918 | 0.84 | 8.45 |
| 2 | 生物化学与生物物理学报 | 0.814 | 632 | 0.78 | 5.07 |
| 3 | 植物生理学报 | 0.774 | 848 | 0.92 | 7.07 |
| 4 | 植物生态学报 | 0.634 | 643 | 0.93 | 9.73 |
| 5 | 昆虫学报 | 0.613 | 937 | 0.65 | 14.73 |
| 6 | 遗传学报 | 0.605 | 703 | 0.80 | 11.14 |
| 7 | 水生生物学报 | 0.566 | 503 | 0.79 | 16.97 |
| 8 | 微生物学报 | 0.479 | 427 | 0.65 | 11.58 |
| 9 | 生物工程学报 | 0.476 | 368 | 0.50 | 4.51 |
| 10 | 遗传 | 0.461 | 378 | 0.66 | 7.02 |