

动态



以声补形看清体内微生物

本报讯 近日,美国研究人员宣布找到一种新型非侵入式的动物体内微生物成像方法。该技术对微生物进行修饰,使之在超声成像时可以产生特定信号,因而有望借助其追踪细胞药物在体内的位置、活性、扩散和功能状况。相关论文刊登于《自然》杂志。

哺乳动物体内的微生物群在健康方面发挥着许多重要作用,修饰它们或有助于开发新型诊断技术和疗法。修饰微生物的一种新型应用是使用肿瘤导向菌株帮助递送抗肿瘤药物。这些微生物的活动由其在动物宿主体内深处的微生物细胞,而光学技术(如使用绿色荧光蛋白基因作为追踪剂的技术)难以做到这一点。

研究人员认为进一步改进这项技术有望推动哺乳动物微生物群的研究,以及诊断和治疗细胞药物的开发。
(张章)

猎奇基因或有助鸟类逃脱气候变化影响

本报讯 应该留下还是离开?这是当气候变化让栖息地变得不再适合生存时,所有野生动物都要面临的问题。一项日前发表于《科学》杂志的研究发现,拥有两个猎奇新基因变异体或许能帮助一些鸣禽生存下来。和那些因留在原地不动而面临灭绝风险的鸟类相比,拯救生命的迁徙对拥有上述基因变异体的鸟类会更有吸引力。

此前研究已经证实,两个名为 DRD4 和 DEAF1 的基因同人类、鱼和其他鸟类寻求新鲜事物存在关联。在最新研究中,来自美国加州大学洛杉矶分校的 Rachael Bay 带领研究人员筛选了遍布北美的 21 个多样化种群的 229 种黄色鸣禽的 DNA。此后,他们确认这两个基因会对鸣禽生存产生最大影响。

这两个通过 5 号染色体上的 DNA 标记得以确认的基因变异体已经在遭到气候变化威胁的衰退种群中最为罕见,比如生活在西部干旱肆虐的落基山脉的种群。“如果他们的发现能站得住脚,即这两个特定基因确实同迁徙和寻求新鲜事物的行为存在关联,则意味着我们在理解适应气候变化方面迈出了一大步。”来自荷兰瓦赫宁根大学的 Marcel Visser 评论说。

Bay 及其同事表示,气候变化的最早适应者可能是那些会迅速改变行为应对而非进化出新的身体特征的物种。尽管此项研究的规模相对较小,但辨别出对行为变化至关重要的基因或许能为评估哪些物种和种群最无法及时适应气候变化提供新方法。
(徐徐)

美神秘航天器“祖马”发射升空

新华社电 在经过多次推迟后,美国政府的神秘航天器“祖马”1月7日发射升空。目前,外界尚不清楚这一航天器的性质与目的。

美国东部时间 7 日 20 时(北京时间 8 日 9 时),美国太空探索技术公司的一枚“猎鹰”9 火箭搭载“祖马”航天器,从佛罗里达州卡纳维拉尔角空军基地升空。

军工制造商美国诺思罗普·格鲁曼公司承认代表美国政府安排了这次发射,并表示“祖马”将被发射至近地轨道。

目前,除了名字外,人们对这个航天器几乎一无所知,也没有美国政府机构出面“认领”它。

美国国防部下属国家侦察局是美国政府负责间谍卫星设计、组装和发射的机构。通常将要发射间谍卫星时,该机构会主动出面承认。但此次,该机构已否认与“祖马”有关。

“祖马”原定于去年 11 月升空,但发射时间因各种原因被多次推迟。

这是太空探索技术公司第三次执行美国国家安全任务。第一次是去年 5 月,把美国国家侦察局的机密间谍卫星 NROL-76 送至预定轨道;第二次是去年 9 月,把美国空军的神秘空天飞机 X-37B 发射升空,执行该飞行器的第 5 次在轨飞行任务。

此次任务中,“猎鹰”9 火箭第一级再次成功回收。网络视频直播显示,发射后约 8 分钟,火箭第一级在卡纳维拉尔角的一号着陆区垂直降落,正中靶心。

“猎鹰”9 火箭第一级已多次成功回收,其目的是研制可重复使用的运载火箭。传统火箭都是一次性使用,一旦能够回收重复使用,将有望降低发射成本。
(林小春)

基因组揭示美洲印第安人起源

或在两万年前一次单一迁徙事件中进入美洲

本报讯 一种罕见的古老脱氧核糖核酸(DNA)使人类历史上最伟大的一次迁徙的图景变得更加清晰。距今大约 25000 年到 15000 年前,人类穿过一片现在被淹没的叫做白令陆桥的土地(曾经连接着现今的西伯利亚和阿拉斯加),从亚洲来到了北美洲。但是这些古老的移民究竟是在什么时候以及有多少人走过了白令陆桥,却一直在激烈的争论。现在,对新大陆最古老的整体基因组进行测序表明,有些迁徙者就在白令陆桥驻足,而另一群人则继续南下,形成了今天所有的印第安人。

美国波士顿哈佛医学院的遗传学家 David Reich 说:“这是一项重要的研究,它极大缩小了美洲人出现的可能性。”他说:“这是非常令人兴奋的。”该基因组来自于 2013 年在阿拉斯加中部塔纳河盆地的太阳河上游发现的一个具有 11500 年历史的婴儿,这里是依然位于海平面以上的白令陆桥的一部分。这名婴儿是在该遗址发现的两名婴儿中的一个,他可能属于一个人数不到几千人的部落,这些人以在白令陆桥捕猎和采集果实为生。

由丹麦哥本哈根大学和英国剑桥大学遗传学家 Eske Willerslev 领导的一个研究小组,从来自婴儿头骨的粉末中提取了 DNA。研究人员对 DNA 进行了多次测序,以获得一份几乎完整的基因组拷贝。他们将其与现代美洲印第安人,以及欧亚大陆和美洲的其他古人和现代人的基因组进行了比较。通过分析遗传相似性,并估计关键突变要花多长时间才会出现,研究人员组装了一份年代粗略的“家谱”。

研究表明,婴儿的族群与现代美洲印第安人的关系最为密切,但它并不是后者的直系祖先。研究人员在 1 月 3 日出版的《自然》杂志上报告称,与此相反,该族群和现代美洲印第安人拥有共同的祖先,后者在距今 25000 年前已经进入了白令陆桥。Willerslev 说,这或许就是当初人类首次踏上阿拉斯加的时间点。“首次有直接的基因组证据显示,所有的美洲原住民都能溯源至一个单一初始种群。”

研究人员表示,该初始种群在大约 36000 年前与东亚人分离,但与后者在基因上的交流一直持续到约 25000 年前。交流中断很可能是气候急

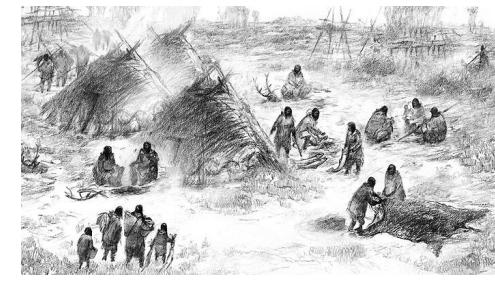
剧变化导致,使美洲原住民祖先被隔离开。

研究表明,大约在距今 21000 年前,这些古老的定居者至少分成了两个部分——一部分是包含婴儿在内的族群,另一部分则最终形成了美洲印第安人。

盖恩斯维尔市佛罗里达大学人类学家 Connie Mulligan 认为,这一成果支持了这样一种观点,即亚洲移民在白令陆桥逗留,并在基因上孤立出来,这就是所谓的“白令陆桥滞留模式”。她说:“因为他们拥有完整的核基因组,所以你可以很好地了解这一迁徙发生的时间和地点。”但是 Reich 警告说,来自单一基因组的年代估计注定是很粗糙的。

研究人员还发现,古代白令陆桥婴儿与美洲印第安人的北部和南部基因子群都有同样的关系,这意味着两者都是由单一的迁徙繁衍而来的。该研究小组提出,大约 20000 年前,一些人向南进入北美洲,之后才被划分成不同的族群,时间可能在距今 17000 年至 14500 年前,这与之前的研究相吻合。

为什么一些迁徙者会在白令陆桥逗留和繁



11500 年前,猎人们在阿拉斯加中部的太阳河上露营。一个婴儿的基因组揭示了第一批美洲人的迁徙。
图片来源:Eric S. Carlson

衍,而另一些人则选择探索美洲呢? Willerslev 说,对新资源的渴望可能会刺激这些迁徙者,但也可能出于纯粹的好奇心。

Willerslev 说:“有些人对所拥有的东西感到满意,还有一些人在看到大冰盖的时候可能想知道在另一边到底有什么。”

Mulligan 说,这是一个令人信服的推测。她说:“一旦进入北美洲,他们便会在这块大陆上四处游荡,并且在短短的几千年内南下到达南美洲的土地。”对探索的文化或基因偏好“有助于解释为什么他们会如此匆忙”。

Willerslev 说,一些观点声称早在三四万年前,甚至更早的时间里人类就已踏足美洲大陆,我们的研究还不能证明这些说法就是错的,但我们认为,即便这些观点是对的,那些早期人类也不可能成为当今美洲原住民的直系祖先。
(赵熙熙)

■ 科学此刻 ■

突变让白眉猴远离艾滋病



基因突变让白枕白眉猴远离艾滋病。
图片来源:lookfordiagnosis

生活在非洲的一种体型中等的猴子即使感染猴免疫缺陷病毒(SIV)也不会得艾滋病。这种白枕白眉猴是一种旧世界猴,是 SIV 的天然宿主。SIV 是一种可影响数十种非洲灵长目的逆转录病毒,而且被认为已跨越了物种屏障而进入人体,并最终成为了艾滋病病毒(HIV)的亚型之一。但即使 SIV 感染了白枕白眉猴且循环病毒量很高,后者也不会染上任何疾病。然而,如果该病毒感染了亚洲或印度普通猕猴,则将会在感染后期发展成猴艾滋病。

近日,《自然》杂志在线发表了一篇论文报告了白枕白眉猴的基因组序列。该研究或有助于解释为何白枕白眉猴感染 SIV 后一般不会发展为艾滋病,另外也为 HIV 与 SIV 的基因组比较研究提供了资源。

不同于人类感染 HIV 和猕猴实验感染 SIV,白枕白眉猴感染 SIV 不会发展为艾滋病,即使其血液中包含高浓度的 SIV。虽然人们已

经从某些方面研究了白枕白眉猴感染 SIV 的天然进程,但是它们得以避免艾滋病的基本分子机制仍不清楚。

为此,美国佐治亚州立大学的 Guido Silvestri 及同事测定了一只圈养白枕白眉猴的基因组序列,并与其它易感染艾滋病的灵长目动物的基因组进行对比,以找到什么基因可能影响感染了 SIV 的宿主的艾滋病易感性。研究人员鉴定出 34 个免疫相关候选基因,它们在白

枕白眉猴和猕猴之间存在巨大差异。结果,他们在其中的 TLR4 和 ICAM2 基因中发现了重大结构变化。

研究人员表示,以上发现表明白枕白眉猴和猕猴之所以对 SIV 感染产生不同的反应,可能是由于多重机制导致,而非单一基因突变导致。进一步对其他 SIV 宿主物种开展对比研究,或有助于揭示促使非人类灵长目动物物种产生艾滋病抗性的演化路径。
(张章)

基因疗法可治小鼠糖尿病

本报讯 I 型糖尿病是一种自体免疫性疾病,患者自身免疫系统会错误攻击并摧毁分泌胰岛素的贝塔细胞,从而导致血糖水平升高。近日,发表在新一期美国《细胞—干细胞》期刊的研究揭示,一项新型胰腺内基因疗法成功让 I 型糖尿病小鼠的血糖水平恢复正常并维持相当长的一段时间。该疗法或具广阔前景。

该论文高级作者、美国匹兹堡大学医学院的 George Gittes 表示,“这项研究基本上是对临床可行的、简单单一干预自身免疫性糖尿病的第一个描述,该方法能让血糖正常,重要的是没有免疫抑制。此方法有望在可预见的未来应用于 I 型和 II 型糖尿病患者的临床试验,因为相关技术已有应用于患者的疗法。”

通过将正常的贝塔细胞和来源于阿尔法细胞的胰岛素生成细胞的基因表达模式进行对比,研究人员证实了该研究产生了几乎完全的细胞重编程。新生的贝塔样细胞与野生贝塔细胞有微小差别,对自身免疫攻击相对

有抵抗力。经单次治疗后,I 型糖尿病小鼠的血糖恢复至正常水平,并维持长达 4 个月。此外,该策略还成功地从人类细胞中产生了功能性贝塔样细胞。

“基因疗法似乎创造出这些新胰岛素生成细胞,而且它们能抵抗自身免疫攻击。这种特性似乎是由于新细胞与正常细胞略有不同,但并没有完全不同。”Gittes 说。不过,4 个月后,小鼠又重新恢复高血糖,说明此基因疗法对 I 型糖尿病尚无法根治。

目前,该研究团队已经在非人类灵长类动物中开展类似实验,并获得较好的治疗效果。研究人员表示,下一步准备在 I 型和 II 型糖尿病患者中开展该基因疗法临床试验。
(唐一尘)

弹道管孔铸重器

(上接第 1 版)

开启新征程

随着党的十一届三中全会的召开,中国迎来了科学的春天。此时,王泽山正值而立之年,他的研究目标更加具体。

火药药轮储是国家国防战略需求。国库药轮每年会形成万吨以上的退役火药药,军队过期弹药会产生大量废弃火药药并成为污染源。

为解决这些问题,王泽山针对不同类型的废弃火药药,从系统工程方法入手,提出了资源化利用的技术途径。

包括对废弃火药药状态和价值评估分析,处理过程的优化;火药药从弹药中的安全分离和粉碎、改型或改性以及组分分离提取,以供军事上再利用,制造民用地雷药或化工产品等技术,并发展了有关理论。同时,他提出了对再加工过程和最终产品的安全性、敏感度和毒性的研究,以及安全粉碎技术研究等。

他的火药药处理的处理与再利用,目前已成为我国废弃火药药资源化再利用研究和实践的指导理论和技术基础。

不久,王泽山又发明了具有环境温度自适

应性的“低温度感度发射装药与工艺技术”,在多种型号武器中装备应用。接着,他又发明了“远程、低过载发射装药”,使我国身管武器的射程、最大发射过载、炮口动能等核心指标领先于国外,技术水平位居世界前列。

依据王泽山建立的“最大膛压低、做功能力高”的弹道过程,运用超多孔、高气体释放速率的火药,更高能量密度装药和变燃速、局部阻燃装药的三种方法,提高了装药的做功能力和装药的燃尽性,解决了武器膛压与初速相互制约的难题。采用本发明的炮射导弹已装备于武器,技术原理已应用于各类中、大口径火炮和新一代武器的型号研制。

作为我国能材料(火药药)学科带头人,王泽山十分重视学科和行业发展的顶层设计。

他重视高校在国家高层次专业人才培养中的主体作用,致力于学科专业建设,主持并组织相关院校专家学者编写了高校火药药系教材。

他先后培养 90 余名博士研究生。目前,他的学生已遍布全国各大领域,成为国防和国民

防疫战场斗病毒

(上接第 1 版)

1987 至 1996 年间,侯云德连任三届我国“863”生物技术领域首席科学家,设计并指导了我国生物医药技术的布局和发展。他联合全国生物技术领域的专家,完成多项前沿高技术研究任务。其间,我国在基因工程疫苗、基因工程药物等 5 大领域取得巨大成就,我国生物技术研发机构成十数倍增加,18 种基因工程药物上市,生物技术产品销售额增加了 100 倍,为我国生物技术研发和产业化步入国际前列作出了巨大贡献。

他提出的应对突发急性传染病的“集成”防控体系思想,重点布置了病原体快速鉴定、五大症候群监测、网络实验室体系建立的任务,使我国成功应对了近十年来历次重大疫情。

例如,2009 年全球突发甲流疫情,在国务院领导下建立了由卫生部牵头、38 个部门组成的联防联控机制。侯云德作为联防联控机制专家组组长,针对防控中的关键科技问题,开展多学科协同攻关研究,取得了“8 项世界第一”的研究成果,对全球甲流防控作出重大贡献。

87 天率先研制新甲流疫苗,打破世界纪录。首次证实新疫苗不加佐剂,仅需注射 1 剂,保护效果达 87.3%,推翻了当时世界卫生组织需要注射 2 剂

的共识。通过建立全球最大的副反应监测系统,首次证明格林巴利综合征与甲流疫苗无关。该研究成果结束了中国疫苗不被国际组织认可的历史。

他领导的团队还首次揭示了新甲流病毒 HA 和 NA 的晶体结构,证实疫苗有显著回忆性免疫保护反应,为研制通用流感疫苗提供了理论依据。

受联防联控机制和国务院应急办公室的委托,清华大学作为第三方系统评估结果表明,我国甲流的应对措施大幅度降低了发病率与病死率,减少 25 亿人发病和 7 万人住院,社会效益约 2000 多亿元,有效保障了人民健康、社会稳定和经济发展,获得世界卫生组织和国际一流科学家赞赏和认同,推动我国传染病防控事业进入了新时代。

2013 年,侯云德团队在全球首次确认并成功应对人感染 H7N9 禽流感病毒疫情,4 天内成功分离和确定病毒。《自然》和《自然—医学》多次发表评述,认为中国应对新发传染病疫情的能力已处于世界领先地位。中国成为继美国、英国、日本和澳大利亚之后第 5 个发展中国家首个全球流感参比和研究合作中心,一举成为全球流感防控的领导者。

一分耕耘一分收获。60 余年来,侯云德始终工作在科研第一线,为我国现代医药生物技术产业和传染病防控技术体系的奠基和发展作出卓越贡献。