

## “小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

【细胞】

## 研究揭示人类轴向延伸背后兴奋系统

美国哈佛大学的 Sharad Ramanathan 等研究人员发现，控制类器官的对称性破坏揭示了人类轴向延伸背后的一个兴奋系统。相关成果 1 月 18 日发表于《细胞》。

研究人员开发了一个生物工程和机器学习框架，通过调整它们的空间耦合来优化类器官的对称性破坏。利用这个框架，可重复地生成轴向伸长的类器官，每个类器官拥有一个尾芽和神经管。

研究人员发现，一个由 WNT/FGF 信号组成的兴奋系统通过诱导一个类似神经外胚层的信号中心来驱动延伸。兴奋系统的不稳定性被分泌的 WNT 抑制剂所抑制，缺少这些抑制剂会导致异位的尾芽和分支。这些结果确定了管理人类稳定轴向延伸的机制。

研究人员表示，人类胚胎打破对称性，形成身体的前后轴。当胚胎沿着这条轴线延伸时，尾芽中的祖先产生了生成脊髓、骨骼和肌肉的组织。这就提出了一个问题：胚胎是如何实现轴向延伸和模式化的。虽然体外研究有伦理上的优势，但类器官系统的变异性阻碍了机理上的洞察力。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.12.043>

## 建立姐妹染色体凝聚力复制叉决定因素

英国弗朗西斯·克里克研究所的 Frank Uhlmann 团队，近期发现了建立姐妹染色体凝聚力的复制叉决定因素。相关成果 1 月 23 日在线发表于《细胞》。

据介绍，伴随着 DNA 复制，染色体粘连蛋白复合物在新复制的姐妹染色单体之间建立了凝聚力。凝聚力的建立需要通过 Eco1 乙酰转移酶将保守的内聚素赖氨酸残基进行乙酰化。

研究人员探讨了粘连蛋白乙酰化与 DNA 复制的联系。复制偶联粘连蛋白乙酰化的生化重建表明，在 DNA 复制过程中形成的瞬时 DNA 结构调控乙酰化反应。当聚合酶完成滞后链的复制时，链置换合成产生 DNA 垂悬物，这些 DNA 垂悬物被修剪以产生缺口的双链 DNA。垂悬物和切口都能刺激粘连蛋白乙酰化，而随后的切口连接以完成冈崎片段成熟终止乙酰化反应。剥离或缺口的 DNA 构成了一条短暂的分子线索，将粘连蛋白乙酰化引导到复制叉后面的一个窗口，粘连蛋白可能在这里捕获两个姐妹染色单体的位置。

该研究解释了 DNA 复制如何与姐妹染色单体的结合建立联系。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.12.044>

【自然-生物技术】

## 7302 株人类微生物基因组尺度代谢重建

爱尔兰戈尔韦大学的 Ines Thiele 团队研究了用于个性化医疗的 7302 株人类微生物基因组尺度的代谢重建。相关成果 1 月 19 日在线发表于《自然-生物技术》。

据介绍，人体微生物组影响多种常用处方药的疗效和安全性。设计结合微生物代谢的精确医学方法需要菌株和分子分辨率的、可扩展的计算建模。

研究人员对之前人类肠道微生物基因组尺度的代谢重建资源进行了扩展。AGORA2(通过重建和分析组装肠道生物，第二版)包含 7302 株菌株，包括 98 种药物在菌株分辨率上的药物降解和生物转化能力研究，并根据比较基因组学和文献检索进行了广泛筛选。微生物重建在 3 个独立组装的实验数据集上表现非常好，精确度为 0.72 至 0.84，超过了其他重建资源，并预测已知的微生物药物转化，精确度为 0.81。研究证明，AGORA2 通过预测 616 名癌症患者和对照组肠道微生物组的药物转化潜力，实现了个性化的菌株分辨率的建模，该药物转化潜力在个体之间差异很大，与年龄、性别、体重指数和疾病分期相关。

AGORA2 是人类微生物组的知识库，为宿主-微生物组代谢相互作用个性化预测分析铺平了道路。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1038/s41587-022-01628-0>

## 工程化活菌抑制小鼠肺部铜绿假单胞菌感染

西班牙巴塞罗那科技学院的 Maria Lluch-Senar 和 Luis Serrano 合作发现，工程化活菌可抑制小鼠肺部的铜绿假单胞菌感染并能溶解气管导管生物膜。相关成果 1 月 19 日在线发表于《自然-生物技术》。

据介绍，经过工程改造的活细菌可能为治疗肺部感染提供一种新的方式，肺部感染是全球性死亡的主要原因。

研究人员设计了一种基因组还原的人类肺部细菌(肺炎支原体)，用于治疗呼吸机相关性肺炎，这是一种与铜绿假单胞菌生物膜相关的医院高死亡率疾病。在验证小鼠体内减毒肺炎支原体的生物安全性后，研究人员通过易位将 4 种转基因引入染色体，以实现杀菌和生物膜降解活性。在小鼠模型中，该工程菌株对急性铜绿假单胞菌肺部感染具有很高的疗效。

此外，研究证明，该工程菌株可以溶解呼吸机相关性肺炎患者气管内形成的生物膜，并与针对肽聚糖层的抗生素结合，以提高对革兰氏阳性和革兰氏阴性细菌的疗效。

研究人员希望肺炎支原体工程菌株能够治疗呼吸道生物膜相关感染。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1038/s41587-022-01584-9>

## 光污染淹没星空速度超乎想象

星星越来越少，其他生物过程也受到干扰

本报讯 德国科学家的一项新研究显示，全球光污染正在淹没世界上许多地方的星空，而且情况每年都在恶化。相关研究 1 月 19 日发表于《科学》。

“这个问题比我们之前认为的更严重。”未参与该研究的美国亚利桑那州独立黑暗天空研究员 John Barentine 说。

最普遍的光污染形式是天空辉光，即街灯、广告牌、店面和其他人类来源的背景微光。尽管手持式探测器可以测量任何一个地方的天空辉光，但迄今为止，科学家仍难以量化其全部。

大多数区域或全球光源测量依赖于卫星仪器，如可见光红外成像辐射计套件(VIIRS)，它可以拍摄地球表面的白天和夜间图像。2017 年，科学家利用 VIIRS 观测发现，全球光污染量每年增长约 2%。但这种仪器对蓝色波长的光视而不见，而蓝色波长的光是由越来越常见的 LED

灯具发出的。此外，其天顶视角主要看到的是直射向太空的光，而不是散射在大气中的光。因此，许多研究人员认为 2% 的值被低估了。

为了得出更准确的数据，德国地球科学研究中心物理学家 Christopher Kyba 采取了极其古老的方法：仰望星空。Kyba 团队与公民科学项目“夜间地球”合作，分析了 2011 年至 2022 年，“夜间地球”收集的世界各地志愿者肉眼所见的 51351 个恒星和星座观测数据，并与同期基于卫星的光污染地图进行了交叉核对。

研究结果揭示了随着时间的推移，世界不同地区夜空中的天空辉光被遮蔽的情况。在欧洲和北美，天空辉光每年分别增长 6.5% 和 10.4%。由于目前公民科学数据点在发展中国家过于稀缺，这些地区的结论仍无法得出。根据之前的卫星测量结果，研究小组估计这些地方的天空辉光正在以更高的速度增长。

Kyba 表示，今天出生在光污染地区的孩子能看到大约 250 颗星星，如果这种趋势继续下去，到 18 岁生日时，他们看到的星星将是现在的 4 倍，可以许愿的星星却只剩下 100 颗。

瑞士苏黎世大学生态学家 Eva Knop 认为，这些发现增加了人们对人造光如何危害野生动物的担忧。先前的研究表明，即便是数百公里外城市的微弱光芒也能导致候鸟死亡，扭曲捕食者-猎物的相互作用，破坏动物激素，并干扰其他生物过程网络。

Barentine 认为，研究结果还表明，现有的黑暗天空条例并没有取得多大成效。尽管有光污染的警告，但社区仍在继续增加人工照明。“当把廉价的照明和对黑暗的恐惧放在一起时，人们并没有选择保护黑暗。”

Barentine 表示，更好的数据，如更多的“夜间地球”用户或专门的光污染监测卫星，可以引起人们对这一问题的关注，并有助于确定保护



由于光污染，猎户座等星座在夜空中变得越来越暗。图片来源：ALAN DYER/VW PICS

黑暗天空的努力，如改装路灯使其光线向下/制定深夜宵禁法令是否有效。(辛雨)

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1126/science.abq7781>

## 科学此刻

## 南极发现最大陨石



这颗陨石可能来自火星和木星之间的小行星带。

图片来源：Maria Valdes

矗立在南极洲广阔冰原上的太空陨石往往会脱颖而出。科学家就在此地发现了一块罕见的大型陨石。它重达 7.6 千克，是迄今为止该大陆发现的最大的太空岩石之一。

南极洲干燥寒冷的天气有助于保存任何坠落的陨石，活跃的冰川搅动着埋藏在冰下的古老太空岩石，再加上均匀的白色背景，使得该地区成为寻找陨石的最佳地点之一。过去 100 年里，科学家已经在南极洲发现了超过 4.5 万颗陨石，其中大部分是微陨石，重量从几十克到几百克不等。

去年 12 月，瑞士苏黎世联邦理工学院的 Maria Schonbacher 和同事在伊丽莎白公主南极研究站附近发现了 5 颗新陨石。当时正值南极的夏季，气温相对温暖，达 -10°C。

为了找到陨石，Schonbacher 团队使用机器学习模型对卫星图像进行了梳理，并确定了 5 个相对没有积雪的冰区。他们用雪地摩托系统

探索了这 5 个地区，但只有一个地区有陨石。“能找到这么大的一颗陨石，真是幸运。” Schonbacher 说。

Schonbacher 说，尽管尚待分析，但这颗陨石似乎是一颗普通的球粒陨石，这是最常见的类型。它们可能包含太阳系中最古老的物质，比如来自火星和木星之间小行星带的物质。

该小组将把这颗陨石送到比利时，放在一个冷藏箱中，防止因融化破坏其脆弱的化学结构，以便展开进一步分析。“我们很难在南极洲发现如此大的陨石。”英国伦敦自然历史博物馆的 Ashley King 说，“我们拥有的陨石越多，可以研究和了解的早期太阳系的样本就越多。”(李木子)

## 人类粪便有助缓解全球化肥短缺



德国莱布尼茨蔬菜和观赏作物研究所的研究人员在卷心菜上试验两种肥料。

图片来源：Franziska Hafner

本报讯 科学家对卷心菜进行检验后发现，从回收的人类尿液和粪便中提取的肥料与常规肥料一样安全有效。研究者表示，如果能说服人们采用这种方式，将有助缓解化肥短缺及由此带来的食品价格上涨。相关研究 1 月 16 日发表于《环境科学前沿》。

氮肥肥料是以天然气为原料，采用能源密集型工艺生产的。而人类粪便是氮、磷等植物养

分的良好来源之一，但会携带致病病原体 and 寄生虫，因此需谨慎处理以确保安全。在一些低收入国家，人类粪便仍被用作肥料，有时甚至未经任何处理；但在高收入国家，这种肥料基本上已被摒弃。

瑞士农业研究机构 Agroscope 的 Franziska Hafner 等研究人员将用酒精(乙醇生产的副产品)提取的有机肥料种植的卷心菜，与用处理过的人类粪便制成的肥料种植的卷心菜进行了比较。他们发现，用硝化尿肥(NUFs)种植的卷心菜产量与用酒精提取的有机肥料种植的卷心菜产量相当。而用堆肥或堆肥和 NUFs 混合使用种植的卷心菜产量较低，但从长远来看，这种方式可能会增加土壤碳含量。

研究人员还对粪便堆肥中 300 多种包括药物、阻燃剂和驱虫剂在内的化学物质进行了测试。其中只有 6.5% 被检测到，且浓度很低。在堆肥中检测到的 11 种药物中，只有两种存在于卷心菜的可用部分——止痛药布洛芬和抗焦虑及情绪稳定药物卡马西平，但后者浓度很低，食用 50 万颗卷心菜才相当于一个剂量。

“这说明通过回收人类尿液和粪便提取氮肥是安全的，可用于卷心菜种植。它们的产量与

常规肥料相当，且没有显示出任何病原体或药物传播的风险。”Hafner 说。

研究人员估计，如果正确制备并控制质量，德国多达 25% 的传统合成矿物肥料可被从人类尿液和粪便中回收的肥料所取代。在一些地区，这一趋势已经出现。研究人员测试的一种名为 Aurin 的 NUFs 已经在奥地利、瑞士和列支敦士登批准用于农业。

苏黎世联邦理工学院的 Benjamin Wilde 在南非田间试验中测试了 NUFs，并在产量和安全性方面获得了类似结果。但让人们使用它们还需要一些说服工作。与许多农民一样，使用人类粪便对当地祖鲁农民而言有极大的社会禁忌。不过，长期讨论和一些实地考察也在帮助他们克服这种使用禁忌。Wilde 表示：“农民一旦看到某种东西奏效，他们就会变得非常实际。”

Wilde 表示，如果人们能转变观点，从回收的粪便中提取肥料或能极大缓解化肥短缺。全球有数十亿人，这意味着有大量可用的氮。(王见卓)

相关论文信息：

<https://doi.org/10.3389/fenvs.2022.1038175>

## 斯堪的纳维亚 2000 年历史讲述维京人故事

本报讯 瑞典科学家描述了从铁器时代到今天 2000 多年来斯堪的纳维亚半岛的遗传史。该研究基于对 48 个新的和 249 个已发表的人类基因组的分析，包含了多个标志性的考古遗址，以及今天生活在斯堪的纳维亚的 16500 人的遗传数据。相关结果近日发表于《细胞》。

由斯德哥尔摩大学和 deCODE 基因公司(雷克雅未克)研究组领导的这项研究，提供了对维京时代(公元 750 年至 1050 年)人口迁徙模式和基因流动的深入了解。研究表明，这一时期的斯堪的纳维亚人祖先，后来由于未知原因衰落了。

“在现代斯堪的纳维亚的某些地区，非本地血统水平较低。这表明非斯堪的纳维亚血统的古代个体对该地区当前基因库的贡献，比根据考古记录观察到的预期结果要小。”斯德哥尔摩

大学的 Ricardo Rodriguez-Varela 说。

研究人员最初分别针对不同的考古遗址进行了 3 项独立研究。“在分析来自不同考古遗址，比如文德时期时期的船葬、维京时期的墓室葬，以及其他一些著名的考古遗址——公元 500 年大屠杀遗址和 17 世纪瑞典皇家战舰克伦纳号遗骸中的个体的遗传亲和性时，我们注意到斯堪的纳维亚不同地区和时期非本地血统的水平 and 起源的差异。”Rodriguez-Varela 解释说。

“最初我们进行的 3 项不同研究主要涉及桑德比堡、船葬和克伦纳号。但我们发现，在某种程度上，将它们合并到一项关于 2000 多年来斯堪的纳维亚人口的研究中更有意义。”斯德哥尔摩大学的 Anders Gotherstrom 说。

研究人员发现了来自不同来源基因流动的时间和规模的区域差异，这些来源包括波罗的海东

部、英属爱尔兰群岛和南欧。研究人员表示，从维京时期开始，英属爱尔兰人的祖先就广泛分布在斯堪的纳维亚半岛，而源于波罗的海东部的祖先则更多局限于哥特兰和瑞典中部。

此外，数据还表明，现代斯堪的纳维亚人的南北遗传渐变主要源于乌拉尔血统水平的差异。相关遗传渐变群存在于维京时代，甚至可能更早。

Gotherstrom 表示，这些数据所揭示的维京时期的遗传本质可能是最有趣的。来自西部的移民影响了整个斯堪的纳维亚半岛，来自东部的移民则有性别差异，主要是女性进入了该地区。

此外，研究人员指出，在维京时期，来自不列颠-爱尔兰群岛的基因流动似乎对斯堪的纳维亚大部分地区的基因库产生了持久的影响。考虑到挪威人在不列颠-爱尔兰群岛的活

动范围，这也许并不令人惊讶。

从 8 世纪开始，各方的冲突便接连不断，到 11 世纪，北海帝国建立，这是一个丹麦、挪威和英格兰王国的联盟。在这个时期，从奴隶的被迫迁移到基督教传教士和僧侣的自愿移民，到达斯堪的纳维亚半岛的不列颠-爱尔兰人的情况和命运可能是多变的。

研究结果表明，维京时期的斯堪的纳维亚半岛充满活力。当时，居民四处移动，做着许多不同的事情。在未来研究中，科学家希望添加更多的基因数据，更深入地了解在维京时期到达斯堪的纳维亚的祖先血统后来是如何被稀释的，并确定南北遗传渐变的形成时间。(冯维维)

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.024>

更多内容详见科学网小柯机器人频道：

<http://paper.sciencenet.cn/Inews/>