

起源于约 27.2 亿年前 新研究为真核生物寻根

■本报见习记者 江庆龄

地球生命的存在形式有两个主流假说,即由细菌、古菌、真核生物组成的“三域学说”,以及由细菌、古菌－真核生物两大类组成的“二域学说”。

近年研究表明,真核生物可能起源于古菌中的“阿斯加德古菌”,这一发现支持了“二域学说”。然而,真核生物源于阿斯加德古菌的哪一支族群,一直存在争议。

此前的一项假说认为,真核生物起源于阿斯加德古菌海姆达尔纲内部,是霍德尔目的“姐妹”。

华东师范大学河口海岸全国重点实验室研究员董宏坡和侯立军团队联合深圳大学团队挑战了这一假说。研究团队将真核生物起源位置精确定位为阿斯加德古菌海姆达尔纲的姐妹类群,表明真核细胞的起源时间可能约在 27.2 亿年前,早于地球大氧气事件,为理解真核细胞形成机制提供了重要线索。日前,相关研究成果发表于《自然》。

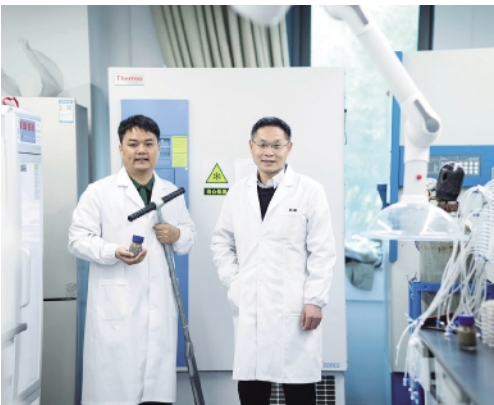
含有“嵌合体”的古菌

研究团队以我国红树林湿地和河口盐沼湿地为“天然实验室”,通过整合新组装的 223 个高质量阿斯加德古菌基因组和美国国家生物技术信息中心数据库现存的基因组,构建了一个包含 411 个阿斯加德古菌基因组的数据集。基于该数据集,研究团队重新选取多套标志蛋白,结合系统基因组学方法,将真核生物定位于阿斯加德古菌海姆达尔纲之外。

但故事还未结束。“我们意识到,涅尔德古菌目是确定真核生物在古菌中进化地位的关键所在。”董宏坡告诉《中国科学报》。

由于含有较多的类真核蛋白,涅尔德古菌被认为属于阿斯加德古菌门,而系统发育分析却发现,该古菌目在古菌中的进化地位不稳定,当采用不同标志蛋白分析时,往往会被归入不同类群。更重要的是,当加入真核生物基因组构建发育进化树时,涅尔德古菌的位置变化显著影响真核生物的进化位置。

团队用逆向思维寻找解决思路,最终通过结合短读长序列回帖、基因组覆盖度分析、序列



张伟(左)和董宏坡。 研究团队供图

重叠群聚类 and 分类谱分析,发现涅尔德古菌基因组同时包含阿斯加德古菌及其姐妹超门 TACK 古菌的序列成分。涅尔德古菌基因组中有大约 24%~60%的重叠群属于 TACK 古菌,而仅 3%~35%的重叠群属于阿斯加德古菌。

董宏坡表示:“我们推断,当使用的标志蛋白更多分布在阿斯加德古菌序列中时,涅尔德古菌进入阿斯加德古菌门,反之,则进入 TACK 古菌超门。涅尔德古菌含有的嵌合体可能是致使前人将真核生物定位到阿斯加德古菌海姆达尔纲内部的原因。”

还原生命起源场景

“定位真核生物祖先在阿斯加德古菌门内部的分化节点十分重要,直接关系到真核生物细胞在地球上首次出现的时间,以及彼时古菌祖先的生活方式。”董宏坡说。

研究团队在阐明真核生物在阿斯加德古菌中的确切位置后,通过分子定年与祖先代谢重构方法,推断出阿斯加德古菌与真核生物的最后共同祖先(LAECA)出现于约 27.2 亿年前。分化时间早于大氧化事件,由此推测该祖先可能是一个使用氢气作为电子供体的厌氧产乙酸古菌。

经过抽丝剥茧,研究团队还原了近 30 亿年



科学家用 AI 寻找外星生命



本报讯 人工智能(AI)研究人员创建了一个能够自主进行天体生物学研究的系统——AstroAgents,用于研究宇宙生命学科的起源。近日,相关研究成果公布于预印本服务器 arXiv。同时,研究人员在日前于新加坡举行的国际学习表征会议上展示了 AstroAgents。

AstroAgents 由 8 个“AI 代理”组成,后者可以分析数据并产生科学假设。它还纳入了其他 AI 工具,旨在实现从阅读文献到提出假设,直至撰写论文的科学研究过程的自动化。

该工具的发明者表示,他们将用 AstroAgents 研究美国国家航空航天局(NASA)计划从火星带回的样品。这些工具将有助于确定样品是否含有表明过去或现在存在生命的有机分子。

论文作者之一、NASA 戈达德太空飞行中心的天体生物学家 Denise Buckner 说:“这有助于

我们更好了解分子如何在太空中形成、在地球生命中形成,以及它们是如何被保存的,接下来我们应该具体寻找哪些迹象。”

该工具是“AI 代理”系统的一个例子。它们通常基于大型语言模型(LLM),旨在成为比传统 AI 工具更积极的参与者,决定需要做什么以及如何做,评估结果并作出响应。它们的出现引发了激烈讨论,即“AI 代理”能否提出真正原创的科学想法,以及如何定义新颖性。美国卡内基科学地球与行星实验室的天体生物学家 Michael Wong 说,将“AI 代理”应用于天体生物学是一个新领域。

为了指定“AI 代理”的行为,研究人员向 LLM 提供了不同的提示。研究团队尝试使用两个 LLM 驱动 AstroAgents——Claude Sonnet 3.5 和 Gemini 2.0 Flash。他们为每个系统提供了 8 颗陨石和 10 份取自地球各地土壤样本的质谱数据,并进行了 10 轮改进。

结果,Gemini 给出了 101 种假设,Claude 给出了 48 种假设。一种假设认为,在地球上发现的某些分子可以作为“可靠的生物标志物”,表明生命的存在。另一种假设是,在两个陨石中发现的

一组有机分子可能是通过一系列相同的化学反应形成的。

Buckner 对每种假设进行了评分。她认为,Gemini 的假设中 36 个是合理的、24 个是新颖的。相比之下,Claude 的假设中没有一个是原创的,但比 Gemini 错误更少、更清晰。

Buckner 说,产生假设的数量以及在复杂质谱图中识别模式的能力,使 AstroAgents 有益于研究。“它能做的比一个人更多。”她说。

但是 Wong 认为,AstroAgents 是否作出了有用的贡献尚不清楚,因为只有一个人评估了它的假设。“如果他们收集了 100 位不同专家的评分,那么这些评分将更有说服力。”Wong 说,即使是那些得分较高的假设,也没有向他提供“任何关于生命起源之谜的新知识”。

论文作者之一、美国佐治亚理工学院的计算机科学家 Amirali Aghazadeh 认为,“AI 代理”工具将作出有意义的贡献。“我们才刚刚开始,只触及了皮毛。”他说,“我们应该通过很多工作了解生命起源,而‘AI 代理’将发挥关键作用。”(文乐乐)

相关论文信息:
<https://doi.org/10.48550/arXiv.2503.23170>

世界数字教育联盟成员总数达 115 个

据新华社电 记者 5 月 9 日从教育部获悉,自 2024 年 1 月世界数字教育联盟正式成立以来,得到国际各方热烈响应。截至 2025 年 4 月底,联盟成员总数达 115 个,包含来自 43 个国家和地区的国际组织、高校、科研机构及领军企业。

当天,教育部举办新闻发布会,介绍 2025 世界数字教育大会有关情况。据悉,2025 世界数字教育大会将于 5 月 14 日至 16 日在湖北武汉举行,以“教育发展与变革:智能时代”为主题,展示我国数字教育领域最新成果,加强数字教育对话合作,推动全球教育共同发展。大会期间,世界数字教育联盟将举办全体大会及

理事会第一次会议。

教育部国际合作与交流司司长杨丹介绍,2025 世界数字教育大会主要由开幕式、全体会议、平行会议和闭幕式等 4 个环节组成,将邀请有关国家教育部门负责人、国际组织负责人、国内外大中小学学校校长和师生代表、数字技术企业代表以及专家学者等,围绕技术前沿、政策机制、应用推广、数字伦理等议题进行深入交流讨论。

“此外,大会将发布《中国智慧教育白皮书》,启动国家教育数字化战略行动 2.0,发布数字教育标准规范等一系列成果,打造线上线下联动的教育数字化成果展。”杨丹说。(王鹏)

中国科学院团委举办“学精神、强作风、促攻坚”青年先进典型宣讲活动

本报讯(记者倪思洁)近日,中国科学院团委举办“学精神、强作风、促攻坚”青年先进典型宣讲活动。中国科学院副院长、党组副书记吴朝晖出席活动并讲话。中央和国家机关团工委书记李苑瑾出席活动并颁奖。中国科学院直属机关党委常务副书记房自正在活动上宣读表彰决定。

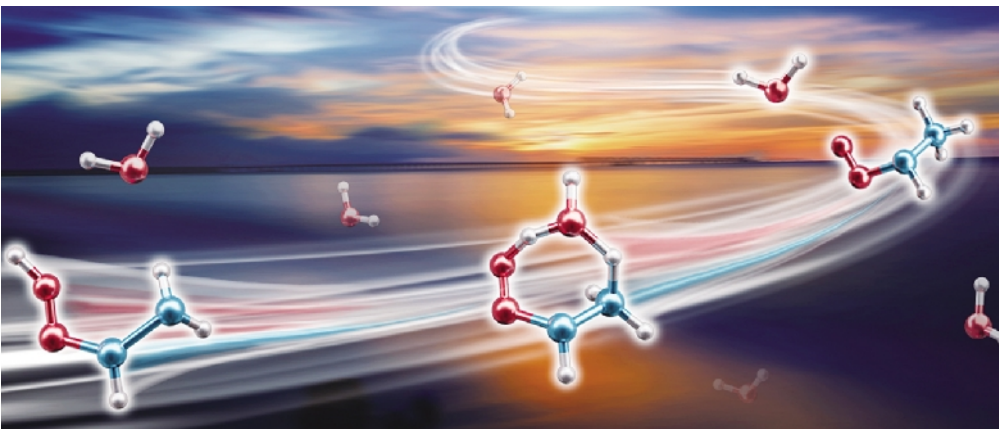
2025 年度中国青年五四奖章(集体)等获奖代表,上海微系统与信息技术研究所郑理、长春光学精密机械与物理研究所李炜、计算技术研究所郭崎、物理研究所陆雅翔、上海技术物理研究所张亮、地质与地球物理研究所张文秀,分“传承践行接续奋斗”“奋力攻坚勇挑重担”“凝心聚力协同攻关”3 个篇章,生动讲述了他们的奋斗故事、成长体悟和努力方向。

吴朝晖代表中国科学院党组向全院广大团员青年致以节日的问候。他强调,全院青年

是科技创新的生力军,重任在身、使命在肩,要深刻认识科技创新面临的新形势新任务新要求,不断增强科技强国建设的使命感责任感紧迫感;要修好理论学习、党性锻炼、基层实践 3 门课,努力成为可堪大用、能担重任的栋梁之材;要自觉践行弘扬科学家精神,涵养风清气正的扎实作风和优良学风,为抢占科技制高点凝心聚力、蓄势赋能;全院各级团组织要深入学习贯彻习近平总书记关于青年工作的重要思想,不断保持和增强政治性、先进性、群众性,不断提高团组织的引领力、组织力、服务力,团结引领全院广大青年勇当先锋队和排头兵,奋力书写为科技强国建设挺膺担当的青春篇章。

活动中还举行了 2024 年度中国科学院五四红旗团委、五四红旗团支部、优秀共青团员、优秀共青团干部表彰仪式。

研究发现“漫游机理”加速 克里奇中间体与水的反应



“漫游机理”加速反应示意图。 中国科学院大连化学物理研究所供图

本报讯(记者孙丹宁)中国科学院大连化学物理研究所董文锐研究员与杨学明院士实验团队联合傅碧娜研究员和张东辉院士理论团队,在大气自由基反应动力学研究领域取得新进展。研究团队发现 syn-CH₂CHOO 与水的反应速率比文献报道值高出了两个数量级,这一发现为深入理解大气中 syn-CH₂CHOO 清除机制及 OH 自由基生成途径提供了重要依据。近日,相关成果发表于《自然－化学》。

syn-CH₂CHOO 是丙烯和 2- 烯烃类化合物经臭氧分解产生的重要中间体,在冬季和夏季分别占克里奇中间体总浓度的 75%~79% 和 25%~77%。作为结构最简单的 syn- 构型克里奇中间体,syn-CH₂CHOO 常被用作研究 OH 自由基生成的模型体系。传统观点认为,烯炔臭氧氧化过程中产生的克里奇中间体(特别是 syn-CH₂CHOO)的单分子解离,是夜间 OH 自由基的主要来源。然而,关于 syn-CH₂CHOO 与水的双分子反应速率一直存在争议,理论计算结果差异高达两个数量级。这种不确定性主要源于该反应的高维

度、高复杂性以及传统理论模型的局限性。同时,由于实验测量的灵敏度与构象异构体的选择性限制,目前只有反应速率的上限值见诸报道。

该工作中,研究团队采用自主研发的高频频时间分辨激光诱导荧光技术,结合基于基本不变量－神经网络方法构建的高精度全势能面与动力学计算,发现 syn-CH₂CHOO 与水的反应速率常数比先前传统理论预测的最高高出约两个数量级。这一加速效应源于反应入口通道中复杂中间体结构和强长程偶极－偶极相互作用产生的“漫游机理”。研究表明,在典型大气环境下,syn-CH₂CHOO 与水蒸气的双分子反应对其总消耗的影响程度与生成 OH 自由基的单分子分解途径相当。

更广泛来看,“漫游机理”可能普遍存在于涉及复杂长程相互作用的化学反应中,这一认识对燃烧化学、天体化学等多个领域具有重要意义。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41557-025-01798-9>

新型胆汁酸可调节肿瘤免疫

本报讯(记者温才妃)厦门大学生命科学学院教授金文兵团队与美国康奈尔大学科研人员等合作,揭示了肠道微生物产生的新型胆汁酸可以通过拮抗雄激素受体调节肿瘤免疫。日前,相关研究成果发表于《细胞》。

肠道微生物能够产生大量小分子代谢产物,包括次级胆汁酸。次级胆汁酸具有抗菌作用,也能作为信号分子与宿主的核受体相互作用并调节宿主的免疫和代谢,结构上的细微变化会显著影响其与宿主核受体的结合能力及其对宿主生理功能的调控。研究次级胆汁酸对宿主生理功能的影响面临两大挑战:一是许多次级胆汁酸的结构未被鉴定,宿主胆汁酸池的组成极为复杂,使得人们难以明确区分这些胆汁酸;二是这些胆汁酸的产生在个体之间存在较大差异,而且在生物样本中的含量较低,限制了进一步分离和功能研究。

该研究结合胆汁酸代谢组学与合成生物学,对 207 种潜在微生物胆汁酸类固醇脱氢酶进行了功能分析,成功鉴定出 56 种新型胆汁

酸,并发现其中一类胆汁酸是有效的雄激素受体(AR)拮抗剂,能够抑制与 AR 相关的基因表达,且具有明确的人体相关性。研究进一步展示了其中一种胆汁酸以依赖于 CD8⁺ T 细胞中 AR 信号通路的机制抑制肿瘤的发生进展,同时增强免疫检查点抑制剂的治疗效果。

通过代谢组学和宏基因组分析,研究人员发现,这些具有 AR 拮抗活性的胆汁酸在人体肠道和血液中普遍存在,其生物合成基因在肠道微生物中也广泛存在,且编码对应基因的治疗效果。而该抑制效果在去势雄鼠中并不明显,表明该活性胆汁酸的肿瘤抑制效果依赖于小鼠体内的雄激素受体。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.02.029>