

# 世界首例干细胞疗法可安全治疗胎儿脊柱裂

**本报讯** 将干细胞应用于胎儿在子宫内暴露的脊髓，可以治疗影响运动和排便功能的严重出生并发症。研究人员对6人进行了首个小规模临床试验后报告称，这种疗法是安全的。2月28日，相关研究成果发表于《柳叶刀》。

脊柱裂是一种妊娠期间胎儿脊髓未完全闭合的疾病，全球新生儿的发病率低于千分之一，但在低收入国家发病率较高。其中最严重的一种类型是脊髓脊膜膨出，可能导致大脑积液过多、潜在脑损伤、瘫痪以及膀胱和肠道控制障碍。

美国加利福尼亚大学戴维斯分校的外科医生 Diana Farmer 领导了一项“子宫内脊髓脊膜膨出细胞疗法修复试验”(CuRE)，旨在评估利用来自胎盘的干细胞治疗疾病的可行性及其是否会对孕妇和新生儿造成伤害。

6名孕妇在妊娠24至25周时接受了手术。手术过程中，研究人员将来自捐赠的胎盘中产生的干细胞直接植入胎儿暴露的脊髓。研究人员称，手术全程未出现并发症，孕妇在妊娠

34周左右生产，新生儿未见感染、脑脊液渗漏或肿瘤生长迹象。Farmer表示，有人曾担心干细胞可能会癌变。同时，有迹象表明，所有新生儿脊髓脊膜膨出的一种并发症——后脑疝都已得到逆转。后脑疝是指大脑后部下陷至颈部，阻塞脑脊液的循环。

澳大利亚皇家妇产医院的胎儿医学专家 Clare Whitehead 表示，这种疗法没有造成伤害很令人欣慰，但要知道它是否有益还为时尚早。“对胎儿进行治疗必须非常谨慎。”她补充道，小样本研究的积极结果未必总是能推广至大规模人群中。

目前，胎儿被诊断为脊髓脊膜膨出的孕妇可在孕期接受手术，以修复胎儿的脊髓缺陷。但曾证实宫内手术有益的 Farmer 指出，近60%的患儿在术后仍无法独立行走或活动。这是因为手术无法逆转胎儿在子宫内接触羊水导致的脊髓神经元损伤。

2012年，日本科学家山中伸弥因使用诱导多能干细胞获得诺贝尔奖后不久，Farmer 团队

便着手验证干细胞能否修复脊髓损伤。诱导多能干细胞是一种重编程的成熟细胞，可分化为人体几乎所有的细胞类型。尽管使用诱导多能干细胞未能奏效，但 Farmer 团队最终通过来自胎盘的干细胞取得了突破——先在细胞实验中验证，继而在绵羊模型中取得成功。接受缺陷修复手术并植入干细胞的绵羊能够独立站立和行走，而仅接受手术的对照组却不能。

新加坡国立大学的医学专家 Citra Mattar 指出，鉴于在绵羊身上取得的结果，预计用干细胞治疗脊柱裂人类胎儿将产生积极效果。

Mattar 说，当前亟须建立长期安全性和有效性数据，例如证明干细胞能比单独手术带来更好疗效的数据。“我们需要时间观察这些儿童的成长发育，全面评估疗效可能需要5年、10年甚至15年。”

Farmer 表示，参与试验的新生儿至少满两岁才能观察到疗效，因为到那时他们已经学会走路了。她的团队已获批准开展29人试验，这将



利用来自胎盘的干细胞，有望在子宫内治愈患有脊柱裂的胎儿。  
图片来源: Fraser/Science Photo Library

为科学家提供足够的统计学数据，验证干细胞疗法能否改善结果。(文乐乐)  
相关信息:  
https://doi.org/10.1016/S0140-6736(25)02466-3

## “小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

【科学】

### 北美鸟类数量加速减少与农业活动有关

捷克生命科学大学的 Petr Keil 团队发现，北美鸟类数量加速减少与农业活动有关。相关研究成果近日发表于《科学》。

此前有研究表明，人类活动可能加速了鸟类丰度的下降，但未得到充分研究。

研究团队基于1033条北美鸟类调查路线，分析了1987—2021年北美54个科261种鸟类的丰度变化及加速特征。结果发现，在整个大陆范围内，每条调查路线鸟类的丰度呈下降趋势；在北美南部和温暖地区，大西洋中部、中西部、加利福尼亚等热点地区，丰度加速下降与农业强度模式相匹配。总体而言，122种(47%)鸟类数量显著下降，其中63种呈加速下降趋势、67种均增长率呈下降趋势，这引发了人们对大部分北美鸟类种群的担忧。

相关论文信息:  
https://doi.org/10.1126/science.ads0871

更多内容详见科学网小柯机器人频道：  
http://paper.sciencenet.cn/Alnews/

## 珊瑚礁食物链缩短 70%

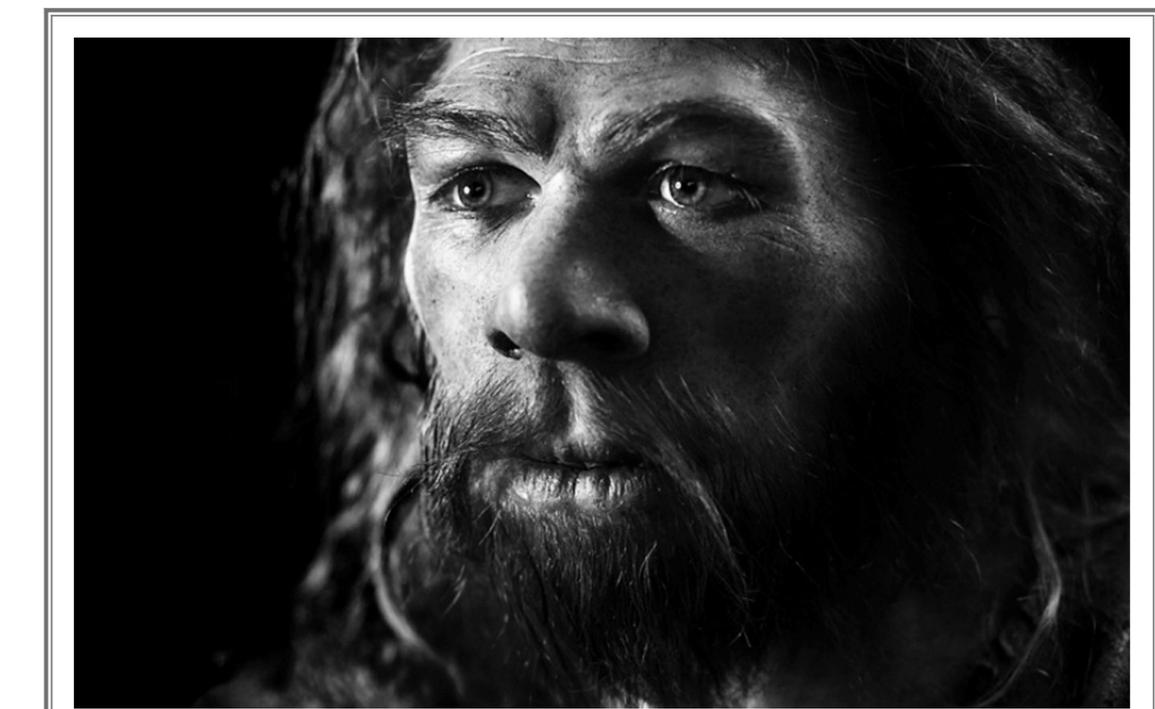
**本报讯** 一项研究显示，现代加勒比海珊瑚礁的食物链可能较史前长度最多缩短了70%。此外，现代珊瑚礁面对外部应激源和生态系统崩溃的脆弱性正在增加。相关研究近日发表于《自然》。

珊瑚礁是必不可少海洋生态系统，但它们受到气候变化、过度捕捞、疾病等多重威胁。珊瑚礁生物多样性的一个重要方面是该生态系统内部大量且多样的摄食生物以及它们的相互作用，这也被称为营养多样性。目前尚不清楚珊瑚礁受到的威胁是否影响了该生态系统中鱼类的食性，由于威胁多出现在现代记录之前，因此相关研究十分有限。

在这项研究中，美国波士顿学院的 Jessica Lueders-Dumont 和同事比较了巴拿马和多米尼加共和国的现代与史前(约有7000年历史)珊瑚礁的营养结构。他们对来自巴拿马和多米尼加共和国的136个化石和现代鱼耳石与珊瑚进行了氮同位素分析，这是因为不同的氮同位素比值能反映某个生物在食物链中的位置。

对这些样本的分析显示，现代食物链比史前珊瑚的食物链要短约60%~70%，而且物种也从之前食物链的上游移动到下游。此外，作者观察到现代珊瑚的食性变异率比史前珊瑚更低。研究者认为，这种降低可能是因为不同物种丧失了食性特化，即更多物种争夺一个共同资源池，以及食物链上下游的猎物可及性降低。

研究人员表示，营养路径减少以及食物链缩短可能使现代加勒比海珊瑚礁更无力应对环境或食物可及性的变化。(冯维维)  
相关论文信息:  
https://doi.org/10.1038/s41586-025-10077-z



目前尚不清楚男尼安德特人(如图)与女智人配对的原因。  
图片来源: S. Entressangle/ E. Daynes/ SPL

对3具女尼安德特人化石样本的遗传物质进行的研究表明，史前性倾向有助于塑造人类基因组。分析显示，女智人和男尼安德特人的繁衍频率高于男智人和女尼安德特人的繁衍频率。2月26日，相关研究成果发表于《科学》。

论文作者、美国宾夕法尼亚大学的进化遗传学家 Alexander Platt 表示，这些发现显示了行为如何影响人类进化。人类遗传学家在研究古代基因组时，常常采取一种“偏重临床分析”的方法。他指出，“这些人都是真实存在的个体，而我们知道人是有偏见的，也是有各自喜好的。”

确定人们过去的行为是一项艰巨的任务。近年来，一些研究利用遗传学揭示了殖民和奴隶制等历史事件如何塑造了今天人们的基因组。但这种方法很少能扩展到近代之外。

现代人可能拥有4%的尼安德特人DNA。但这些遗传物质的分布是不均匀的。智人基因组的某些部分，包括大部分X染色体，并不存在任何尼安德特人的遗传痕迹。这些区域被称为“尼安德特人沙漠”。

关于这些“沙漠”的存在主要有两种理论。第一种观点认为，尼安德特人的某些基因变异对现代人和尼安德特人自身都是不利的，因此很快就从人类群体中消失了。

第二种理论则认为，某些尼安德特人

## 科学此刻

### 爸爸是尼人 妈妈是智人

都发现了人类DNA“沙漠”，但有一个明显的例外。尼安德特人的X染色体比非性染色体平均多出62%的人类DNA。这些DNA似乎并没有带来任何优势，因为它们大多位于基因组的非蛋白质编码区域。

Platt 及同事建立的人口模型表明，这种DNA过剩可以用性别偏好来解释。如果在几代人里，女智人与男尼安德特人繁衍的频率高于男智人与女尼安德特人的频率，那么就会出现这种DNA过剩现象。

造成这种择偶偏好的原因尚不清楚。美国布朗大学的群体遗传学家 Sohini Ramachandran 表示，这可能是由女性的选择、配偶的可获得性、对某些组合的文化认同等因素造成的。

Ramachandran 表示，这些发现“令人振奋”。行为在人类进化中常常被低估，但这项研究表明，性别偏好“在现代人与尼安德特人的互动中发挥了重要作用”。

德国马普进化人类学研究所的进化遗传学家 Leonardo Iasi 说：“我认为这是一个绝妙的想法，并且似乎符合某种模式。但要确凿证明这是真实发生的情况，非常困难。”

Iasi 指出，人类遗传学家常常把历史人群视为“他们只是偶然相遇并繁衍了后代”。“显然，事实并非如此。”(王钰)  
相关论文信息:  
https://doi.org/10.1126/science.aea6774

## 长期主义者的回报：五年三个“国际首套”

(上接第1版)

做围绕目标“随机应变”的人

同样在肥城，2024年4月，工程热物理所研发的国际首套300兆瓦先进压缩空气储能国家示范电站顺利并网发电。

据悉，该项目一小时能发电30万度，年储电能力超6亿度，年节约18.9万吨标准煤。

从10兆瓦到100兆瓦再到300兆瓦，陈海生表示，每一套新的示范都不是简单的量变问题，而是存在着质的根本挑战。主要关键设备均需要重新设计研发，核心目标只有一个，就是获得更高的系统效率。

为了将整体效率提高0.1%，可能需要各部门历时数月沟通细节，优化流程、反复迭代。最终，300兆瓦系统额定设计效率达72.1%，处于国际领先水平。

从贵州毕节到河北张家口再到山东肥城，团队面临着异地建设的挑战。如何保障项目快速向前推进？陈海生思考了很久，最终得出结论：科学研究讲究探索未知，追求卓越，要充分给予科研人员自由活动的空间；而工程项目建设则更注重质量、进度和安全，项目队伍要统一协作。

带领一帮科学家做工程，陈海生称首先要摆正心态，能上能下。既要懂科学原理，又要掌握工程技术，包括拧阀门、紧螺栓、调设备这些基本技能，自己做出来的东西，才有充足的信心保证不出问题。

其次要有坚定的信念。“做工程肯定会遇到各种各样的困难。除了技术问题，也会有管理、经费、工程手续等方面的问题，如果没有坚定的信心，不可能把这样大型的全球首创工程建设起来。”陈海生说。

为此，团队一方面积极引进工程技术人才，另一方面很多成员纷纷转型。大家从坐在实验室里的科学家变为每天泡在工地的工程师和项目经理、管理着几百人的企业经营者的。紧跟国家政策、懂管理、懂政策、懂工程、懂经营的全才团队。

2025年，团队已在国际上率先开展了600兆瓦变速压缩空气储能系统的研发。陈海生表示，压缩空气储能系统的造价已接近或低于抽水蓄能，随着储能单机规模继续扩大，系统性能将不断提升，系统成本将进一步下降20%至30%，以更好适配储能市场的发展需求。

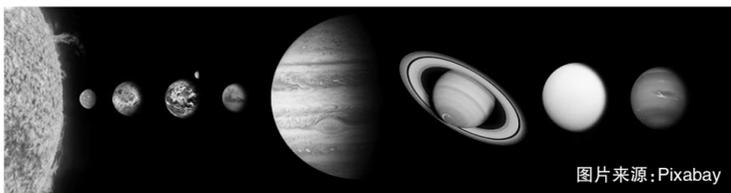
## “6星连珠”划过夜空

**本报讯** 太阳系中几乎所有的行星如今在夜空中排成一列纵队，此次天象在地球上的任何地方都能看到。这种行星排列现象被称为“行星巡游”，包括太阳系除火星之外的所有行星，因为火星目前位于地球相对于太阳的另一侧，所以无法观测到。

这种排列每隔几年才会出现一次，届时所有行星的轨道恰好使它们同时运行到太阳的同一侧。这种行星的轨道长度各不相同——水星绕太阳1周需要88个地球日，而海王星则需要大约165个地球年。因此，行星对齐是几何学与轨道动力学共同作用下的一次巧合。

这些天象有时会对密集地出现——2025年2月就出现了所谓的“大连珠”，当时所有7颗行星都可同时观测到；而有时多年过去了，却没有出现一次这样的现象。

在行星的排列过程中，它们会在天空中沿着所谓的“黄道”大致勾勒出一条轨迹。这条轨迹与太阳在白天运行的路线是一致的，



但由于行星轨道存在倾斜角度，它们并不会完全排列成一条直线。如果从太阳系外观测，这些行星更不会呈直线排列——这其实是一种由于所有行星均在同一平面上绕太阳运行而产生的视觉错觉。

这种排列现象近期都可以看到，具体观测时间取决于你所在的位置。在大多数地方，2月28日和3月1日是观赏这一天象的最佳时机。你只需要找一个能清晰看到西方天空且光污染最小的地方，留意这场“行星巡游”即可。

例如在2月28日，观测行星排列的最佳时间是日落后1小时左右。由于水星轨道靠近太阳，所以它会在太阳落下不久便沉入地平线。日落时，水星和金星即可在西方地平线的低处看到。土星和海王星会位于二者上方，再往上看是天王星，最上方则是木星。

水星、金星、土星和木星肉眼可见。由于距离遥远，观测天王星需要双筒望远镜。要看到海王星则需要借助天文望远镜了。(李木子)

## 百年“蔗”谜破解：基因三维地图护航“糖罐子”

(上接第1版)

论文共同第一作者、广西大学教授张清介绍，甘蔗的古老祖先拥有10条核心染色体，以这10条原始染色体作为“祖宗”或“分类标签”，将测序得到来自不同物种、不同品种的所有染色体片段，与这10条“祖宗染色体”进行比对，序列相似度高、属于同源关系的片段，不管它实际来自哪条染色体，都会被划分到同一个“染色体群落”里，实现“认祖归宗”。

划分群落后，所有复杂的遗传信息就有了统一的坐标系，所有比较都可以在“群落”内部进行，结果精准。在这个统一的坐标系上，他们创新性提出了多尺度图泛基因组框架，将9套不同的基因组整合到统一的图谱中，构建出“三维”的图泛基因组。

张积森说，该图谱将充满冗余的甘蔗基因组压缩了约34%，捕获了约82%的甘蔗基因组多样性，而现有最优单一参考基因组仅能覆盖约34%。

论文共同第一作者、福建农林大学讲师黄敏介绍，依托精确的图泛基因组，研究团队对417份甘蔗及其近缘材料开展了系统的图谱比对和群体遗传分析，材料涵盖野生甘蔗、家种甘蔗、现代栽培品种及近缘种等多个类群，证实现代栽培甘蔗中约70%~90%的遗传成分来源于热带种甘蔗。

在此基础上，研究团队发现了碳水化合物和淀粉/蔗糖代谢、植株结构发育及抗逆响应等功能通路，锁定了一批与糖运输和代谢、株型和分蘖、开花期及逆境适应相关的关键候选基因，其中超过一半是仅在图泛基因组分析框架下才发现的。

他们还发现，经典的驯化基因TB1是甘蔗分蘖的关键功能基因，敲除该基因后，甘蔗表现出显著的更多分蘖、提前分蘖，并伴随产量提升。

论文共同第一作者、广西大学研究助理张以星介绍，针对多倍体作物中传统基因组关联分析(GWAS)难以准确刻画等位剂量信息的难题，研究团队在图泛基因组框架下提出了新的分析方法——DosageGWAS。新方法显著提高了关联分析的灵敏度和解释力，不仅检测到更多显著关联位点，而且对糖分性状和叶片角度性状的遗传力解释度大幅提升，独立验证的剂量差异位点数量也明显增加。

### 动态演进型“甘蔗基因资源基础设施”

1926年，《科学》发表了古巴科研团队的长论文。该成果建立了甘蔗花叶病毒的接种体系并进行分级评价，为理解甘蔗病害奠定了基础。

直到100年后，《科学》才发表了第二篇甘蔗研究的长论文。两位美国科学院院士——佛罗里达大学教授 Douglas E. Soltis 和 Pamela Soltis 同期在《科学》针对这项研究发表了评论，认为研究展示了植物泛基因组学的最新水平，为植物基因组学和分析科学提供了全面、多维度的基因组资源和中作框架。

为验证方法的普适性，研究团队将这一多尺度图泛基因组策略推广至异源多倍体小麦、棉花和同源多倍体马铃薯等多倍体物种。结果表明，“多尺度图谱+DosageGWAS”框架不仅适用于甘蔗，也可跨物种、跨多倍体作物广泛推广，为复杂作物基因组研究和分子育种提供了通用工具。

3位院士对这一成果给予高度评价。中国科学院院士、中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员韩斌说，该研究彻底改写了人们对甘蔗基因组“不可解”的传统认知，为小麦、苜蓿、马铃薯等复杂多倍体作物精准改良提供了重要范式。

中国科学院院士、华南农业大学教授刘耀光指出，该研究有效破解了植物多倍体“难分解、难比对、难关联”的核心瓶颈，显著提升了基因组选择的准确性。

中国工程院院士、华中农业大学教授张献龙强调，该研究为复杂多倍体作物建立了可操作的遗传-育种路径，破解了长期悬而未决的关键难题。

张积森告诉《中国科学报》，该研究成果有望在多个层面加速甘蔗育种进程：支撑高质量分子标记开发与基因组预测；高效挖掘野生与稀有优良等位，为“回交导入+基因编辑”提供精准靶点；为未来“甘蔗泛基因组联盟”奠定基础，随着中国、印度种等历史品种和区域性地方品种基因组不断发布，现有甘蔗属超级泛基因组可持续扩展，逐步形成覆盖全球甘蔗种质的动态演进型“甘蔗基因资源基础设施”。

从实验室的基因组解析到田间的育种应用，这项研究正在悄然改变着甘蔗产业的未来。“我们要真正把这个研究成果用起来。”张积森说。  
相关论文信息:  
https://doi.org/10.1126/science.adx1616