

的自然宿主,而是在清扫鼠类污染环境、接触鼠屎鼠粪、吸入含病毒气溶胶,或被感染鼠类咬伤、抓伤时意外感染。大多数汉坦病毒并不在人与人之间传播,安第斯病毒是目前公认较特殊的一类,可在密切、持续接触条件下发生有限人际传播。这也是此次邮轮事件引发国际关注的核心原因:它并不意味着汉坦病毒具备类似呼吸道病毒的大规模传播能力,却暴露出全球旅行、密闭空间、跨国转运和多国检疫协作中的新挑战。邮轮上人员来自多个国家,部分人员在事件被识别前已下船,病例又存在较长潜伏期,使追踪、隔离、检测和风险沟通都变得复杂。WHO为此通过《国际卫生条例》机制协调多国开展接触者追踪,并向相关国家实验室提供检测试剂盒。

治疗方面,汉坦病毒感染至今缺乏被广泛认可的特异性抗病毒疗法。重症患者救治的核心仍是早期识别和支持治疗。疫苗方面,中国和韩国已有针对部分HFRS相关病毒型别的灭活疫苗使用经验,但全球范围内仍缺少覆盖多型别、广泛获批的新一代通用疫苗。

(综合:世界卫生组织、美国疾病预防控制中心、欧洲疾病预防控制中心)

生命的“字母表”被AI简化

在生命的“字母表”中,20种标准氨基酸几乎被视为不可动摇的基础。然而,这一看似铁律的规则,正在被生成式人工智能悄

然改写。来自哥伦比亚大学的Harris H. Wang团队,展示了一种颇具颠覆性的生物工程路径:成功构建出一种仅使用19种氨基酸的大肠杆菌细胞,并且这种“删减版生命系统”能够稳定存活和生长。被移除的是在天然蛋白质中广泛存在的异亮氨酸(Ile)。2026年4月30日,相关研究成果发表于《Science》。

长期以来,科学家猜测早期生命可能依赖更精简的氨基酸体系,但尚无实验证据。Ile因结构与缬氨酸(Val)、亮氨酸(Leu)相似,在进化序列分析中保守性最低,常被Val替代,因此成为简化氨基酸“字母表”的理想目标。

该研究突破的关键,不在传统的逐基因编辑,而在于“让蛋白质自己学会重写”。研究团队引入蛋白质语言模型(protein language model,一类借鉴自然语言处理思想的生成式AI),对细胞中关键蛋白进行系统性重设计。模型通过学习海量蛋白质序列中的“语法”和“语义”,预测在缺失Ile的情况下,哪些替代氨基酸组合仍能维持蛋白结构与功能。

在此基础上,团队对大肠杆菌的核心生命机器——核糖体——动刀。核糖体承担着将遗传信息翻译为蛋白质的任务,其结构高度保守、对突变极为敏感。研究人员将其全部382个Ile残基逐一替换为其他氨基酸,并通过AI辅助设计确保替换

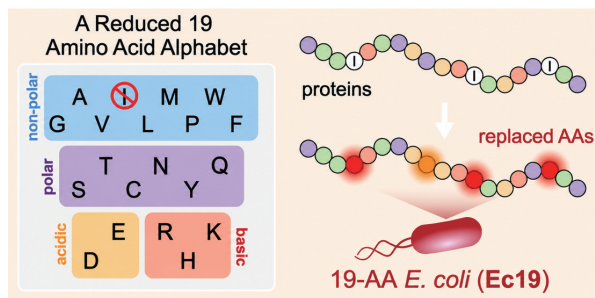
后的结构仍能正常折叠与运作。这一“全局替换”在传统蛋白工程中几乎不可想象。

更具挑战的是,核糖体的改变只是起点。整个细胞内成千上万的蛋白质都依赖统一的氨基酸编码体系。为此,研究团队通过多轮迭代设计与筛选,逐步构建出一个“去Ile”的蛋白质网络,使细胞整体代谢与生长过程能够自治运行。最终获得的工程菌株,不仅能够存活,还表现出相对稳定的生理状态。

从科学意义上看,这项工作触及了生命系统的一个根本问题:氨基酸种类的“20种限制”究竟是化学必然,还是演化偶然?如果生命可以在19种甚至更少的氨基酸条件下运行,那么天然生物的组成规则,或许只是众多可行解中的一种。

当然,这一体系仍处于早期阶段。去除一种氨基酸后,细胞在极端环境下的适应性、长期进化稳定性等问题仍有待评估。但可以预见的是,随着模型能力的提升与实验技术的迭代,未来“可编程生命”的设计空间将被进一步打开。

(来源:《Science》)



去掉异亮氨酸(Ile)后依然可以构建有活性的蛋白质

(图片来源:《Science》)