

体群,为甘蔗遗传研究提供了更清晰的参考图谱。

在此基础上,研究人员对全球 981 份甘蔗种质资源进行重测序,追踪了甘蔗从野生种到现代栽培品种的演化路径。结果显示,现代甘蔗的形成并不是简单追求“越甜越好”,而是经历了野生种抗逆性、热带种高糖性和现代育种中基因剂量平衡的逐步整合。

研究还把“甘蔗为什么能储糖”的问题,从代谢通路推进到细胞结构层面。甘蔗茎秆中的薄壁细胞就像一个个“糖仓库”,细胞越大,能够容纳的蔗糖越多。团队发现,SUT2 等蔗糖转运相关基因与薄壁细胞大小和蔗糖储存能力密切相关。这提示,甘蔗高糖性状不仅取决于糖如何合成,也取决于糖能否被高效运入并储存在合适的细胞空间中。

“这套多倍体作物基因组学分析新范式不只服务于甘蔗。小麦、棉花、马铃薯、甘薯、油茶,甚至乌足兰等花卉,凡是拷贝多、杂合度高的作物,我们开发的 3 套核心算法都可直接或改造后应用。”中国农业科学院深圳农业基因组研究所张兴坦说,技术范式的革新有望突破传统多倍体研究中“组装难、定量难、关联分析难”的瓶颈,推动多倍体基因组研究从“碎片化描述”进入“系统解析”阶段,也为小麦、棉花、马铃薯等重要作物的分子设计育种提供技术支撑,加速优异等位基因的挖掘与利用。

(综合:《Nature》、  
中国热带农业科学院)

## 冰冻木乃伊的微生物竟然还活着

1991 年,两名德国游客在阿尔卑斯冰川中意外发现了一具沉睡了 5300 多年的遗体——“冰人奥茨”(Ötzi)。30 多年来,这具欧洲最古老的自然木乃伊一直被视为一枚被冰封的“时间胶囊”。然而,最新研究显示,它并非完全静止的遗迹,而是一个仍在低温环境中缓慢变化的微生物世界。

意大利欧洲科学院研究中心(Eurac Research)木乃伊研究所 Mohamed S. Sarhan、Frank Maixner 等团队发现,奥茨体内外保存着多重来源的微生物:既有其生前肠道中的古老微生物,也有死亡后来自阿尔卑斯冰川环境的冷适应微生物,还有现代保存过程中引入的微生物。2026 年 6 月 3 日,相关研究成果发表于《Microbiome》。

更具传播性的发现来自酵母。研究人员不仅从奥茨相关样品中分离并培养出多种冷适应酵母,还尝试用其中的酵母发酵面团,烤出了一块特殊的酸面包。

2019 年 4 月,研究团队抓住一次极其罕见的保护性解冻窗口,将保存在 $-6^{\circ}\text{C}$ 、相对湿度接近饱和环境中的奥茨置于 $4^{\circ}\text{C}$ 条件下进行约 5 h 控制性解冻,使覆盖在体表的薄冰层融化,并无菌采集了皮肤表面拭子、胃部内容物以及体内融水等样品。同时,研究人员还分析了保存环境样品和 1991 年奥茨出土地点采集并冷冻保存的土壤样品,以区分微生物的可能来源。

通过培养和基因组分析,团队分离出 4 种高度适应低温环境的酵母。这些酵母在遗传上与来自南极、北极等极寒地区的菌株关系较近,提示它们很可能与奥茨死亡后所处的阿尔卑斯冰川环境有关。面对这些跨越数千年的微生物,Sarhan 萌生了一个颇具创意的想法:用它们来做面包。

实验一开始并不顺利。这些酵母长期处于低温、低速代谢状态,并不能立刻适应常温下的面粉环境。随后几个月中,研究人员在低温条件下对其进行“面粉驯化”和复苏培养,定期用新鲜面粉喂养活化。最终,酵母恢复了较好的发酵能力,能够在 24 h 内让面团膨胀。用它烤出的酸面包状态良好,风味也让研究人员颇感惊喜。团队还计划进一步探索这些酵母在低温发酵啤酒等方向的潜在应用。

为了判断这些酵母是否只是在样品中“被保存”,还是在博物馆冷库中仍保持低水平活性,研究人员对比了 2010 年和 2019 年从奥茨同一皮肤部位采集的样本。结果显示,冷适应酵母 *Glaciozyma* 在皮肤真菌群落中的比例明显上升;同时,2019 年样本中测得的酵母 DNA 片段更长、完整度更高,古



南蒂罗尔考古博物馆储存的“冰人奥茨”(Ötzi)  
(图片来源:《Scientific American》)

DNA 常见的 C→T 脱氨基损伤比例也较低。这些证据提示,相关酵母可能并未完全休眠,而是在-6°C 保存环境中以极低速率进行代谢更新甚至缓慢增殖。

不过,这一判断仍需谨慎。未参与该研究的拉脱维亚有机合成研究所研究员 Nikolay Oskolkov 指出,目前样本主要来自 2010 年和 2019 年 2 个时间点,还不足以完全证明这些酵母在过去数千年中一直持续分裂。它们也可能是在奥茨被发现后,才在保存环境中逐渐定殖并扩增的“后来者”。

(综合:《Microbiome》  
《Scientific American》、  
ZME Science、Eurac Research)

## 用贝叶斯求解河流复合污染难题

一条河流中究竟有多少污染物在共同发挥作用?在现实水环境中,农药、药物、工业化学品和生活源污染物往往不是单独出现,而是以复杂混合物的形式同时存在。过去,环境风险评估通常习惯先看单一物质浓度是否超过安全阈值,再对少数重点污染物分别管理。但在真实流域中,多个看似“未超标”的化学物质叠加在一起,仍可能对水生生物构成风险。

2026 年 6 月 7 日,挪威水研究所 S. Jannicke Moe、丹麦 Hugin Expert 等机构研究人员在 bioRxiv 发表预印本,提出一种面向流域尺度化学混合物风险的概率建模方法,尝试把“鸡尾酒效应”纳入更可计算、可比较的风险框架。

复合污染评估的难点在于,

环境中的化学组合几乎无穷无尽,而实验室不可能逐一测试所有混合物毒性。生态毒理学中常用 2 种基本思路估算混合效应:一种是“浓度相加”,即认为作用机制相近的物质可按毒性贡献相加;另一种是“独立作用”,即认为不同物质可能通过不同机制分别造成效应。前者通常更保守,后者更适合描述作用方式不同的污染物。但在流域管理中,污染物既可能来自不同来源,也可能分属杀菌剂、除草剂、杀虫剂等不同类别,单靠某一种算法容易低估或高估总体风险。

研究团队开发的贝叶斯网络模型,将浓度相加和独立作用 2 类概念结合起来,用概率而不是单一数值描述风险。模型以风险商为核心指标,即预测环境浓度与保护性毒性阈值之间的比值;当风险商超过设定阈值时,模型给出发生风险的概率。这样的设计使研究人员可以在单一物质、物质类别和总体混合物 3 个层级上同时估算风险,并把空间位置、季节变化、污染物类别和模型不确定性纳入同一框架。

在试点案例中,研究团队以比利时流域为对象,纳入 15 种农药,覆盖杀菌剂、除草剂和杀虫剂 3 类物质,并按流域区、月份和季节计算复合暴露风险。相比传统“一个污染物对应一个风险值”的方式,该方法更像一张动态风险地图:它不仅能判断某一地区、某一季节总体风险是否升高,还能追踪到底是哪类化学品、哪些单体物质对风险贡献最大。

(来源:bioRxiv 预印本)

## 亚洲首个合成细胞技术路线图发布

人类能否从磷脂、蛋白质和 DNA 等生物大分子“零件”出发,从零搭建出一个能够自主生长、分裂的活细胞?这个听起来近乎科幻的问题,正在成为合成生物学检验生命底层设计法则的一块试金石。

过去几十年间,全球合成细胞研究逐步形成了两条互补路径。一条是相对成熟的“自上而下”路径:从天然细胞出发,通过删减、替换或重写基因组,把细胞改造成更简单、更可控的生命系统。抗疟药前体青蒿酸的酵母合成、在微生物中引入合成基因网络生产生物燃料,都是这一方向的代表性进展。

另一条则是更具挑战性的“自下而上”路径:不依赖现成细胞,而是基于基本生物学原理,以天然、修饰或合成的生物分子为构建模块,创建全新的生命系统。与“自上而下”改造现有细胞不同,“自下而上”路线试图从非生命分子出发重构生命过程。也正因如此,这一路径难度更大——事实上,目前科学界尚不清楚能否仅凭“自下而上”的方法真正创造生命。

以德国马克斯·普朗克学会主导的合成生物学大型联合项目 MaxSynBio、荷兰国家级合成细胞计划 BaSyC 等为代表的欧洲研究网络,正是在“自下而上”思路下,围绕膜结构、细胞骨架、蛋白质自组织、分子通信和能量转换等模块展开研究。例如,MaxSynBio 研究者曾在体外重构支撑细