

新发现的始祖鸟标本 提供恐龙向鸟类演化的关键证据



始祖鸟芝加哥标本生态复原图 中国科学院古脊椎所供图



始祖鸟芝加哥标本照片及线图 中国科学院古脊椎所供图

新华社北京5月14日电（记者温竞华）始祖鸟是已知最古老的鸟类之一，对它的研究有助于解开鸟类起源和早期演化的奥秘。记者14日从中国科学院古脊椎动物与古人类研究所获悉，中美两国科学家合作发表了一件始祖鸟新标本——芝加哥标本，揭示了始祖鸟的骨骼、软组织及羽毛等细节，为恐龙到鸟类演化关键期的头骨演化和飞行适应等提供了关键证据。

相关研究由中国科学院古脊椎所研究员胡晗和美国菲尔德自然历史博物馆专家共同领导的中美团队完成，研究成果14日发表于国际学术期刊《自然》。该杂志的同行评审专家认为，这是目前保存最为完好的始祖鸟标本（尤其是头骨部分），具有极大的研究价值。

这件标本由菲尔德自然历史博物馆于2022年收藏，是目前发现体型最小的始祖鸟标本，只有近鸽子大小。标本极为完整，大部分骨骼保存较为立体，同时保存有罕见的软组织（如皮肤、趾垫）和羽毛等重要信息，为深入理解其形态信息与生态适应提供了重要证据。

基于这件标本的保存状态，胡

晗带领研究团队成功对其进行了高精度CT扫描和三维重建。重建结果显示，该标本几乎完整保存了整个头骨，尤其罕见地保存了完整的髯区结构。

“这一结构表明，始祖鸟的头骨形态介于伤齿龙类和其他白垩纪鸟类之间，代表着从非鸟恐龙缺乏灵活性的头骨向鸟类更轻便灵活的头骨过渡的关键阶段。”胡晗说，此次重建的结果不仅为理解始祖鸟自身特征提供了重要线索，也为今后开展化石鸟类头骨的三维功能形态分析奠定了基础。

除了骨骼信息外，研究团队还在标本上发现了多处清晰的软组织痕迹，尤其是足部保存的趾垫形态与现生地栖鸟类相似，说明其可能具备良好的地面行走能力，显示始祖鸟的生活方式较以往的认知更为多样。

与此同时，芝加哥标本是首件发现三级飞羽的始祖鸟标本。这种附着在肱骨和尺骨上的羽毛位于翅膀和身体之间，可能作用于提高飞行效率。这一结构在非鸟类恐龙中从未出现，显示这些羽毛可能是为了适应主动飞行而演化出的创新特征。

新型合成小分子 可“精准杀伤”癌细胞

法国国家科学研究中心日前在官网介绍，该中心参与的一项研究成功设计并合成了一种新型小分子“磷脂降解剂”，能够诱导那些导致肿瘤复发并对标准治疗耐药的癌细胞死亡。该研究结果有望成为当前癌症化疗之外的有效补充疗法。

据悉，当前的抗癌治疗主要针对快速增殖的原发肿瘤细胞，但对于那些具有转移潜能、能够适应现有治疗的癌细胞，却难以有效清除，而癌症患者中有70%的死亡正是由病灶转移引起。

来自法国居里研究所、国家科学研究中心等机构的研究人员，聚焦一种具有高度转移潜能的“持久性癌细胞”。这类细胞表面高表达一种名为CD44的蛋白质，可增强对铁的摄取能力，使其侵袭性更强，并更易适应常规治疗。这也使其对铁催化的细胞死亡（即铁死亡）更加敏感。铁死亡会引发细胞膜脂质的氧化与降解，导致细胞最终死亡。

在此基础上，研究团队成

功设计并合成了一类可激活铁死亡的小分子，即“磷脂降解剂”。该分子一端可靶向细胞膜并进入细胞的消化器官溶酶体，另一端能增强癌细胞溶酶体中富集铁的反应性，从而触发铁死亡。

研究人员将这类分子中的一种设计为具备荧光特性，可通过荧光显微镜追踪其在细胞中的定位，并确认其确实聚集在溶酶体中。在给实验动物注射这种分子后，研究人员在转移性乳腺癌的临床前模型中观察到肿瘤生长明显减缓；此外，在患者的胰腺癌及肉瘤活检样本中，也发现了显著的细胞毒性反应。这些结果确认了该治疗方案在临床前阶段对常规化疗疗效有限的癌种具有显著效果。

相关研究论文已于日前发表在《自然》杂志上。接下来，研究人员还需要进行临床研究来验证这一治疗方案能否成为当前常规化疗之外的补充疗法，特别靶向那些具有转移潜能且对标准治疗耐药的癌细胞。

据《北京青年报》

适应雨林？古人类混血？ 东南亚人群基因组被破译

新华社昆明5月15日电（记者 岳冉冉）中外团队历时10年，在东南亚人群基因组研究领域取得里程碑式突破。北京时间14日晚，“东南亚人群基因组计划”首期成果发表在国际期刊《自然》上，东南亚人群的遗传演化之谜被揭开。

论文通讯作者之一、中国科学院昆明动物研究所研究员宿兵说，东南亚是全球人类基因组研究的“最后一块拼图”，该地区人群拥有极高的遗传多样性，是全球最重要的人类演化区域之一。为了解开东南亚人群的遗传密码，由中国科学院昆明动物研究所牵头，联合34个国内外科研团队，历时10年，完成了“东南亚人群基因组计划”一期研究。

据介绍，团队深入东南亚雨林腹地，系统采集了涵盖5大语系、6个国家的30多个族群样本，成功完成了3023例全基因组深度测序，构建了目前最完整的东南亚人群全基因组测序数据集——SEA3K。

论文通讯作者之一、中国科学院昆明动物研究所研究员孔庆鹏说：“本次研究成果丰硕，不仅发布了东南亚人群

全基因组测序数据，还揭示了该区域人群基因如何受到古代族群分化、混合、适应、人口规模变迁及古人类基因渗入的影响。本研究首次在东南亚人群中发现了丹尼索瓦人3次基因渗入的遗迹，重新定义了人类史前演化的地理边界。”

值得一提的是，团队发现了众多东南亚人群适应热带环境的独特基因突变，宿兵举例说，“像热带雨林，高温高湿，它对东南亚人群影响深远，我们发现了这些人群身上携带的特殊基因突变，比如，有的突变能调控皮肤色素，以抵御强紫外线；有的突变可以减轻雨林中的蚊虫叮咬反应；有的突变则可以促进生成卷发，加速东南亚人群的散热。”

据悉，目前团队已经正式启动“东南亚人群基因组计划”二期工程，致力于构建覆盖东南亚全域的万人级高分辨率基因组图谱。

复旦大学、北京基因组研究所、西安交通大学、上海交通大学、中国科学院数学与系统科学研究院、云南民族大学等中国团队参与了该计划。