
3600年前“小河公主”享用的奶酪有啥不一样

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/29633.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

3600年前“小河公主”享用的奶酪有啥不一样

。打开淘宝，搜索“开菲尔菌种”，白色菜花状颗粒的图片就会立刻跳出来。人们花上几十块钱，就能用它自制酸奶、发酵豆浆、奶酪等。而这种制作乳制品的方法，早在4000年前，生活在楼兰小河墓地的古人就已经掌握了。

发酵奶制品很可能是最早出现的发酵食品，尽管人类食用发酵奶制品的历史非常悠久，但目前关于人类历史上对发酵微生物的应用和技术交流历史，以及发酵微生物本身的演化过程，特别是发酵微生物在长时间驯化条件下功能性基因的演变知之甚少。

过去11年，中国科学院古脊椎动物与古人类研究所研究员付巧妹团队联合中国科学院大学人文学院教授杨益民、新疆文物考古研究所等单位，针对小河墓地出土的世界上最早的奶酪，进行了国际首个古代奶制品遗存宏基因组研究，用全新的古分子证据揭开了古人群对微生物的应用驯化和传播交流历史。

9月25日，这项研究成果在线发表于《细胞》，并被选为重点推荐论文。

更新开菲尔乳酸菌传播历史

2003年，新疆小河墓地出土了一具约4000年前保存相当完整的女干尸，她因混血的美貌征服了考古学家们，被称为“小河公主”。

2010年后，考古学家在“小河公主”的颈部和胸部发现了一些散布的淡黄色块状物，还有腰侧随葬草篓中大量颗粒状物质。

经过近4年的研究，杨益民团队与德国马普学会分子细胞生物学与遗传学研究所合作发现，这些块状物和颗粒状物质由不同的蛋白质组成，颗粒状物质的蛋白组成接近全奶；而块状物的乳清蛋白含量较低，以酪蛋白为主，证明是奶酪。当时，科研人员还揭开了这种奶酪的制作工艺细节，它是由开菲尔（kefir）乳酸菌发酵生产的。



新疆小河墓地出土的木乃伊样本（被称为“小河公主”，奶酪样本即围绕在其脖子周围）。新疆维吾尔自治区考古研究所李文瑛供图



新疆小河墓地出土、编号为M25的青铜时代奶酪样本。杨益民供图

这几块世界上最早的奶酪实物（3600年前）吸引了许多人的关注，其中就包括付巧妹。

“奶酪的保存非常困难，这些实物得益于小河墓地独特的干燥条件。”于是，付巧妹有了一个大胆的猜想，这款奶酪中也许还存有开菲尔乳酸菌的古DNA。然而，此前从未有科学家提取过这类古DNA。

为了获取数据，付巧妹自主设计了专门针对乳酸菌的全基因组位点探针，正是利用这个工具，将开菲尔奶酪样品中的乳酸菌DNA从0.43~0.55%的富集一点一点提升至64~80%，使第一例古代奶制品全基因组研究成为了可能。最终，付巧妹团队从距今约3500年的3例古老奶酪样本中，提取出了26x高质量的古代开菲尔乳酸菌基因组。

奶制品发酵技术的传播在很大程度上伴随着人类的迁徙和互动，这一过程推动了在发酵作用中发挥重要作用的乳酸菌演化。

根据现代开菲尔乳酸菌基因组研究发现，开菲尔乳酸菌有两个重要支系，一个支系主要包括来自欧洲（德国）、亚洲沿海和岛屿地区（广东、台湾岛和日本、新加坡）的菌株，这个支系符合从高加索扩散到欧洲及亚洲和东南亚沿海地区的扩散路线；另一个支系主要包括分布在东亚内陆地区（包括西藏）的菌株。此前，科学家推测，西藏支系可能是独立存在的。

但在这项研究中，付巧妹在对新疆古代开菲尔乳酸菌的系统发育分析中发现，新疆塔里木盆地古人群用于发酵开菲尔酸奶的菌株跟西藏的菌株更近，且处于这一支系演化的基部位置。

“这也意味着，存在着另一条通过技术文化交流将开菲尔酸奶制作工艺从新疆地区传播至东亚内陆的传播路线。”付巧妹说，开菲尔乳酸菌两个支系的分化很可能就是其共同祖先最初被驯化后在不同人群的传播所导致的，代表不同古人群在应用和驯化发酵微生物过程中发生了不同路线的迁徙与交流。

古人群与乳酸菌协同演化

古人群通过食用发酵奶制品摄入大量发酵微生物，而这些有益的共生微生物伴随着环境压力、人类活动、技术文化的变迁，及通过长时间与人类体内其他肠道微生物群落的相互作用，它们本身的基因组也发生了相应的演变，开菲尔乳酸菌的演化亦是如此。

广泛的水平基因转移是乳酸菌适应性演化的主要机制之一，此次研究团队通过青铜时代和现代开菲尔乳酸菌基因组的比较分析，找到了5个新的基因片段，它们代表了不同的功能。

相比于青铜时代的开菲尔乳酸菌，现代开菲尔乳酸菌的菌株中出现了可能参与到耐药机制的基因簇。付巧妹认为，这是开菲尔乳酸菌在演化过程中对环境压力的适应。

现代开菲尔乳酸菌还出现了与细菌自身免疫相关的R-M系统和toxin-antitoxin系统等基因簇。她解释，这些基因簇能对抗外源DNA入侵，从而维持基因组的稳定性，这也代表了开菲尔乳酸菌防御机制的增强。

有意思的是，相比于新疆地区青铜时代的开菲尔乳酸菌而言，西藏地区的现代开菲尔乳酸菌菌株中出现了两个与减轻肠道炎症反应相关的水平转移的基因簇，这些基因簇不仅有利于乳杆菌在人类肠道中生存，而且还能促进肠道功能。

微生物与人类的相互作用贯穿了人类数百万年的演化历史，数以亿计的的微生物与人类共生，参与到人类体内营养的合成与毒素的分解，在人类健康及其与环境的高度互动中扮演了重要角色。

“开菲尔乳酸菌这样长时间被人类利用的菌株，其基因组演化除了菌株本身的适应性演化外，人类长时间的应用和驯化很可能也影响了开菲尔乳酸菌的演化。”付巧妹说。

对于这项从分子机制层面厘清相关菌株的引入、传播和演变历程的研究，国际专家评价：“这一首例来自考古样本的共生微生物基因组意义重大，为欧亚草原中部人群的迁徙交流与微生物驯化历史带来新认识。”



付巧妹在古脊椎所古DNA超净室中对奶酪样本进行实验。古脊椎所供图

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.08.008>

作者：胡珉琦 来源：中国科学报

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发