



## 核糖体——根据遗传密码制造蛋白质的工厂

Ada Yonath<sup>1\*</sup>, Elinor Breiner Goldshtein<sup>1</sup> 和 Noa Segev<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>魏茨曼科学研究所, 化学系, 化学与结构生物学部 (以色列, 雷霍沃特)

<sup>2</sup>Frontiers for Young Minds (瑞士, 洛桑)

### 少年审稿人



ANSHUL

年龄: 12



JULIANA

年龄: 11



SUHAS

年龄: 16

### DNA

父母传给后代的遗传物质。它包含合成细胞成分的指令, 即基因。DNA 由四种核苷酸组成。

蛋白质是一种小型生物机器, 在人类以及所有动物、植物、病毒和细菌的体内发挥着关键作用, 负责完成各种各样的生命活动。DNA 中的遗传密码包含了蛋白质合成的所有指令, 能够执行这些指令的是一种细胞器, 即核糖体。它能够非常快速和准确地根据指令来合成蛋白质。我的科研工作主要聚焦于根据核糖体的结构研究它的功能, 正如我们最终解析了核糖体的结构。在这篇文章中, 我介绍了我研究中的主要发现及其重要应用, 以及我一路走来所面临的各种挑战。

2009 年, 阿达·约纳特 (Ada Yonath)、万卡特拉曼·莱马克里斯南 (Venkatraman Ramakrishnan) 和托马斯·施泰茨 (Thomas A. Steitz) 共同获得诺贝尔化学奖, 以表彰三人对核糖体结构和功能的研究。

### 从 DNA 到蛋白质

每个活细胞都拥有一套遗传密码, 该遗传密码是细胞组件合成和整个生物体的行动指令, 由父母遗传给后代。这套遗传密码就是 DNA。它

## 蛋白质 (Proteins)

细胞的“工人”——在细胞和体内执行几乎所有行动的分子。这些动作包括产生运动(肌肉激活)、运输氧气和从血液中去除二氧化碳(呼吸)、构建身体的皮肤和结缔组织(结构)以及保护身体免受入侵者的侵害(免疫系统)。

### 图 1

蛋白质的结构。蛋白质由 20 种氨基酸构成。当氨基酸连接在一起时，它们形成一条称为蛋白质一级结构的链。每种氨基酸都有独特的化学性质，这些性质是蛋白质发挥作用所必需的。因此，氨基酸的排序顺序非常重要。每条蛋白质链根据其成分的性质折叠以形成二级结构。二级结构可以有多种形式，例如  $\alpha$  螺旋。三级结构是蛋白质的三维结构，即  $\alpha$  螺旋和连接  $\alpha$  螺旋的链的排列，使该蛋白质能够执行特定功能。一些蛋白质以簇的形式发挥活性——簇中蛋白质的排列称为四级结构。这些簇由至少两种蛋白质成分组成，组合之后的簇能保证这些蛋白质发挥它们的功能。

## 氨基酸 (Amino acids)

蛋白质的组成部分，约有 20 种。在蛋白质内部，氨基酸通过肽键连接在一起。这些肽键将氨基酸连接成链，这就是蛋白质形成的方式，一个平均大小的蛋白质由 150-300 个氨基酸组成。

## 肽键 (Peptide bond)

把蛋白质中的氨基酸连接在一起的化学键。

可以被看做是一个食谱，包含了活体生物合成物质和正常运转必需的所有信息。基因是 DNA 最重要的组分之一，内含指导蛋白质合成的指令。而蛋白质则是生物功能的执行者，是细胞和整个生物体正常活动时必须的“机器”。

所有的天然蛋白质都由大约 20 种氨基酸组成。为了形成蛋白质，氨基酸像项链上的珍珠一样连接在一起。连接两个氨基酸的化学键称为肽键，中等大小的蛋白质由 150-500 个氨基酸相连而成。这种生物长链可依据氨基酸链的排列序列折叠成一个独特的、功能性的三维结构。蛋白质的结构需要进行精确“裁剪”，以保证其能够执行特定的功能(图 1)。

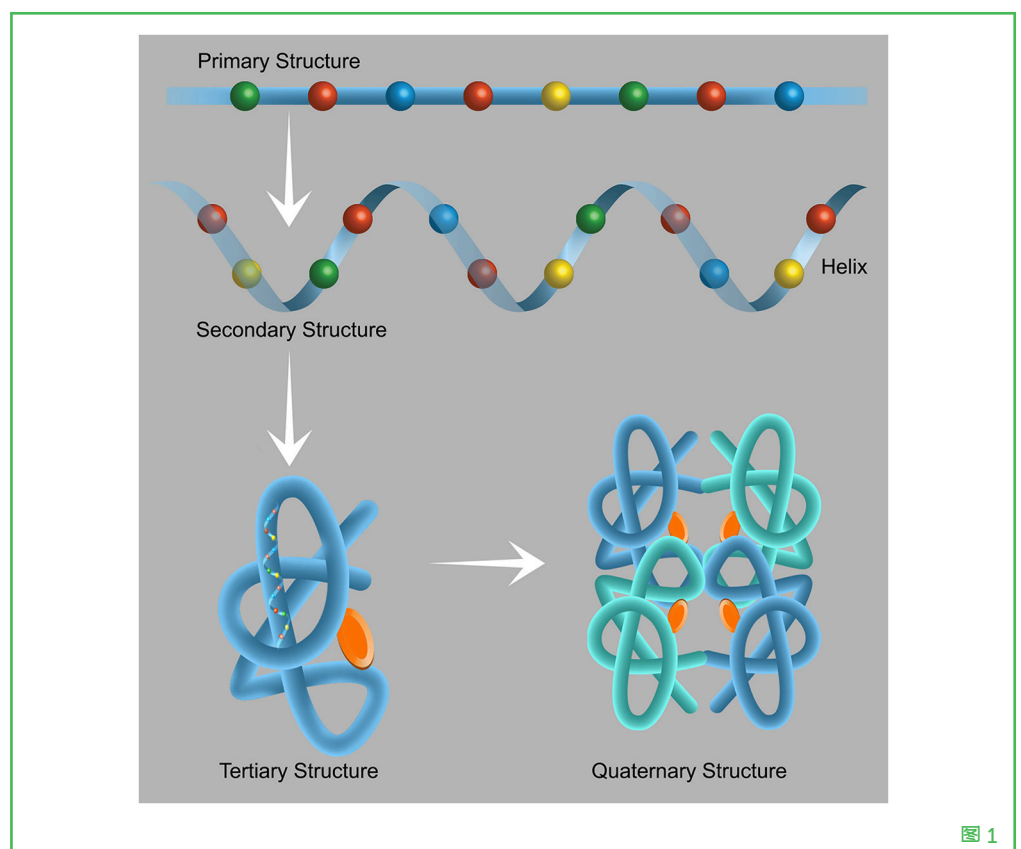


图 1

蛋白质在细胞中的合成可分为几个阶段(图 2)。在第一阶段，含有遗传信息的 DNA 被复制成信使 RNA (mRNA)，这个过程称为转录 (transcription)。mRNA 分子是遗传信息的“副本”，它可使遗传信息在细胞内转移而不会“危及”遗传物质的原义。在下一阶段，mRNA 到达核糖体，即细胞中生产蛋白质的“工厂”。核糖体“读取” mRNA 中的指令，进而合成一条通过肽键连接的氨基酸链。离开核糖体后，氨基酸链被折叠成蛋白质行使功能所需的合适的三维结构。这种由核糖体中合成蛋白质的过程称为翻译 (translation)。本文的后续部分将重点介绍翻译是如何在核糖体中进行的。

图 2

细胞中蛋白质产生的阶段。(1) 在第一阶段, 将含有特定蛋白质信息的核苷酸 DNA 序列(左)转录以产生信使 RNA。(2) 在第二阶段, mRNA 和氨基酸到达核糖体并产生氨基酸链(即蛋白质), 通过受保护的通道离开核糖体。(3) 从核糖体出来后, 氨基酸链折叠成蛋白质的三维结构(右)。这种独特的结构可以让所产生的蛋白质发挥出特定功能(体内蛋白质的众多功能之一)。

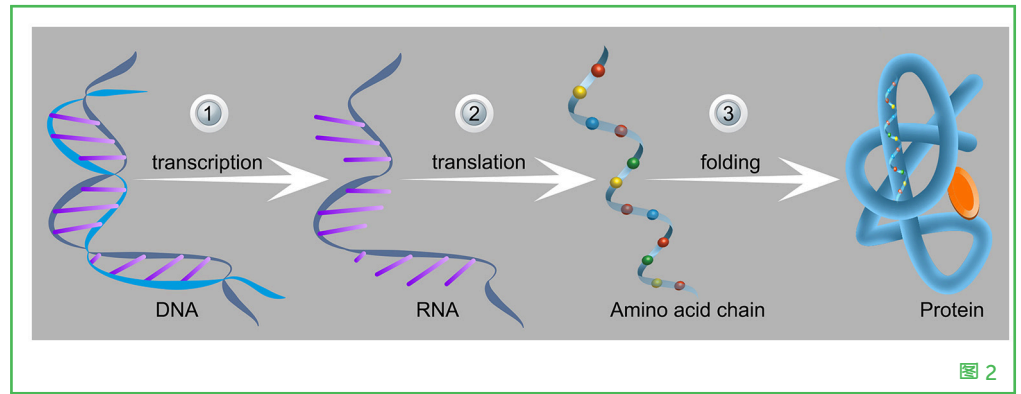


图 2

### 信使 RNA(mRNA) (Messenger RNA (mRNA))

一种将遗传信息从 DNA 复制到核糖体的 RNA, 是蛋白质合成的模板。在蛋白质合成过程中, mRNA 被核糖体读取, 并根据遗传密码以正确的顺序组装氨基酸链。该过程产生的 mRNA 作为可访问且安全的拷贝, 被翻译成蛋白质, 翻译结束之后就会被分解。

### 转录 (Transcription)

基于 DNA 产生信使 RNA 的过程。DNA 包含细胞中生产蛋白质的所有操作指令(基因)。由于 DNA 是原始拷贝, 不能被替换, 因此细胞有几种不同的机制来保护它, 包括转录机制。

### 核糖体 (Ribosome)

细胞中生产蛋白质的细胞器。核糖体由两个亚基组成, 即小核糖体亚基和大核糖体亚基。这两个亚基都由许多核糖体蛋白和核糖体 RNA 组成。小核糖体亚基负责根据信使 RNA 解码遗传密码, 而大核糖体亚基负责根据遗传物质的指令生产蛋白质。

## 核糖体

新蛋白质的合成是一个复杂的过程。蛋白质的“配方”被编码在遗传密码(DNA 和 mRNA)中, 是一种由四个字母组成的遗传“语言”。这种“语言”被翻译成一种由约 20 种不同的氨基酸组成的“语言”。你可能会疑问, “这是怎么做到的?”。这个过程叫做翻译: 名字已经提示了过程。具体方案是核糖体将遗传密码中相邻的三个核苷酸读成一个密码子。而每个密码子对应一个特定的氨基酸(有些氨基酸具有多个密码子, 最多时四个密码子对应同一个氨基酸), 或者终止信号。核糖体负责翻译, 也就是将氨基酸连接成新的蛋白质。

核糖体是由两个亚基组成的细胞器: 小核糖体亚基和大核糖体亚基(图 3), 每个亚基各司其职。小核糖体亚基负责从 mRNA 中读取遗传密码, 并且将反密码子转运 RNA(tRNA) 匹配到对应的 mRNA 密码子上。读取遗传密码的位置称为解码中心。大核糖体亚基负责催化合成氨基酸之间的新肽键, 并将合成的肽链通过核糖体传递到新生肽通道出口(NPET)。在核糖体的催化中心——肽基转移酶中心(PTC), 氨基酸相互结合, 形成新的肽键。两个氨基酸在 PTC 里相距很近, 并且处于利于肽键形成的合适方位。在新肽键形成后, 携带新生蛋白的 tRNA 与 mRNA 一起移动到核糖体的“下一站”, 以便于形成新的肽键。新生蛋白链穿过 NPET 内的大核糖体亚基, 出现在核糖体的另一端。

小核糖体亚基和大核糖体亚基在蛋白质组装时相互结合, 在蛋白质翻译完成时彼此分离。每个核糖体亚基由蛋白质和核糖体 RNA(rRNA) 组成(图 3) [1], 后者是一条非常长的 RNA 链。每个活细胞都有数量庞大的核糖体——例如, 从细菌中的数万到人类细胞中的数百万。核糖体的工作运转需要大量的能量——占细胞总耗能的 60% 以上 [2]! 这突出了核糖体在细胞内的重要性, 因为它是生产所有细胞活动所需蛋白质的工厂。核糖体工作速度惊人: 细菌核糖体可以在几秒到一分钟内生产一个中等大小的蛋白质。

核糖体翻译 mRNA 分子有三个阶段: 起始、延伸和终止。在起始阶段, mRNA 与核糖体的小核糖体亚基结合。然后携带甲硫氨酸的 tRNA



图 3

核糖体的结构。核糖体由几十种蛋白质(紫色和品红色)和核糖体 RNA 链(绿松石色和灰色)组成,分为两个亚基:小核糖体亚基(绿松石色和紫色)和大核糖体亚基(品红色和灰色)。小亚基包含读取遗传物质的位点,称为解码中心, mRNA 分子进入该位点,并根据遗传密码与转运 RNA (tRNA) 结合,由三个字母表示(见图 4)。大的核糖体亚基包含一个称为肽基转移酶中心 (PTC) 的位点,其中由 tRNA 携带的氨基酸相互结合。核糖体的两个亚基在新蛋白质的组装过程中聚集在一起,并在蛋白质组装结束后分离。

### 翻译

#### (Translation)

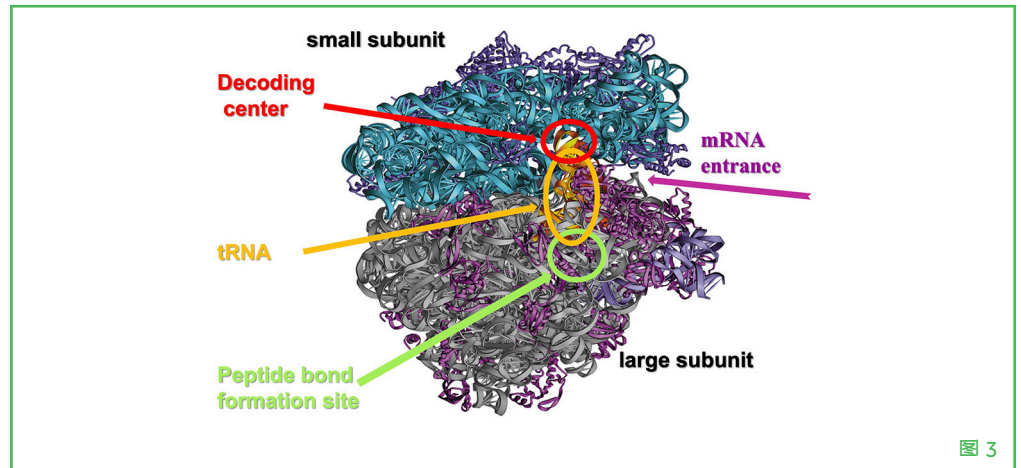
这是合成蛋白质的第二阶段,其中信使 RNA 中编码的遗传信息被核糖体用于组装氨基酸链。当氨基酸被添加到生长链上时,蛋白质开始在核糖体通道内前进、离开并折叠成最终的三维结构。

#### 转运 RNA(tRNA) (Transfer RNA (tRNA))

一个独特的 RNA 家族,在翻译过程中将特定的氨基酸带到核糖体。每个 tRNA 具有特定的反密码子序列,该序列与 mRNA 上的密码子互补,并携带相应的氨基酸与密码子结合。核

#### 糖体 RNA(rRNA) (Ribosomal RNA (rRNA))

形成核糖体结构和催化核心的独特 RNA 序列。核糖体质量的三分之二左右是 rRNA,剩余三分之一是核糖体蛋白。



与 mRNA 序列的起始密码子结合。所有 mRNA 的起始密码子都是 AUG,它对应的氨基酸是甲硫氨酸。起始因子将小核糖体亚基、mRNA 和 tRNA 结合在一起,形成起始复合物。随后,大核糖体亚基再结合上来就形成了翻译复合物,即有活性的核糖体。在延伸阶段,核糖体依次逐个翻译密码子。每一个氨基酸都由一个独立且特异的 tRNA 携带,并与核糖体结合。当核糖体在 mRNA 上移动时,携带相应氨基酸的 tRNA 分子持续结合在核糖体的三个活性位点上并移动:氨基酰基位点(A 位点)、肽基位点(P 位点)和退出位点(E 位点)(图 4)。之后下一个 tRNA 携带相应的氨基酸进入核糖体,与 A 位点结合,此时 A 位点和 P 位点的氨基酸形成肽键,新生的蛋白质链在 NPET 内继续前进。随后, tRNA 从 P 位点移动到 E 位点,并从核糖体中释放出来。伴随着位于 A 位点的 tRNA 移动到 P 位点,一个新的 tRNA 与 A 位点结合。新的氨基酸到达时,就会通过肽键与前一个氨基酸结合。这样,新生的蛋白质链就形成了 [3]。生长的肽链通过新生肽通道出口(NPET)穿过核糖体,并从核糖体中伸出。只要 mRNA 在核糖体中前进并呈现新的密码子,延伸就会继续。当核糖体遇到终止密码子时,翻译终止。没有 tRNA 能够识别 mRNA 上的终止密码子。当翻译完成时,核糖体的两个亚基分离,新生的蛋白质释放,并自行或由分子伴侣(chaperone)协助折叠成三维结构。通过这种方式,新的蛋白质从核糖体中合成出来,并在细胞中发挥作用(点击[这里](#)观看视频)。

我们是如何解析核糖体结构的呢?这需要我们开发的一种独特的方法,将在下一节中讨论。

## 灵感来自北极熊的晶体学研究

我们用**晶体学**中研究结晶材料的方法解析了核糖体的结构和功能。**晶体**内的单元在空间中以有序的方式重复排列,而这些单元本身具有内在对称性。晶体中最简单、最小的重复单元称为“晶胞”。食盐的晶胞如图 5A 所示。晶体中的每个晶胞都有固定的长度、高度和宽度,其

图 4

核糖体中的蛋白质合成。核糖体由两个不同且独立的亚基组成：小核糖体亚基（底部）和大核糖体亚基（顶部）。小核糖体亚基解码含有组装蛋白质指令的 mRNA（多色链）。大核糖体亚基催化肽键的形成，并按照 mRNA 的指令合成新生蛋白链，具体如下：第一个载有氨基酸（彩色小圆）的转运 RNA（tRNA）与肽基位点（P 位点）结合，然后下一个载有氨基酸的 tRNA 与核糖体的氨酰基位点（A 位点）结合。肽基位点（P 位点）和氨酰基位点（A 位点）的两个氨基酸（分别在 A 和 P 位点的淡蓝色和橙色圆圈）之间便形成新的肽键。来自 P 位点的 tRNA 被转移到出口位点（E 位点）（暗红色），来自 A 位点的 tRNA 被转移到 P 位点（此位点连接新生蛋白链），载有下一个氨基酸的新 tRNA 继续结合在 A 位点。在这个过程中结束时，氨基酸链从核糖体中释放出来，并折叠成功能蛋白。

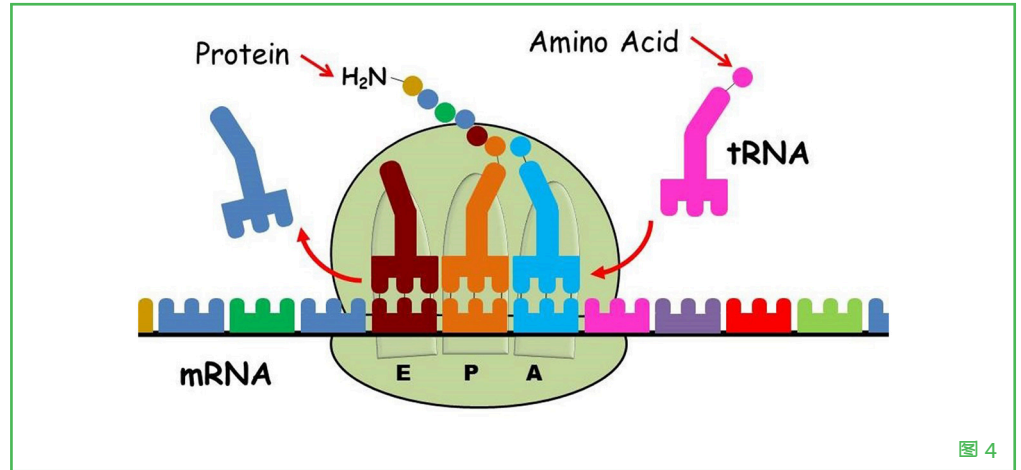


图 4

各面之间也呈固定的角度。在晶体中，晶胞周期性地并排排列在三维空间中，就像地砖一样。在晶体学领域，研究人员会用均匀且非常集中的 X-射线束照射晶体（图 5B）。根据晶胞中每个原子的性质、位置以及物理定律，即布拉格定律，X-射线束照射到晶体后会向特定的方向发生衍射。在 X-射线束照射过程中，光束散射的图像被一块屏幕或探测器捕获并收集（图 5B，屏幕在右侧）。通过傅立叶方程对所得衍射图样进行计算，我们就可以破译单一晶胞的三维结构。

图 5

用晶体学解析晶体结构。**(A)** 我们日常生活中的晶体——食盐（NaCl），其原子周期性排列。食盐由两种离子组成：阳离子钠（绿色）和阴离子氯（蓝色），周期性地排列在三维空间的晶胞中。**(B)** 用晶体学解析晶体的结构：用均匀而集中的 X-射线束照射晶体。由于构成晶体的原子排列有序，X-射线束在撞击晶体后被衍射。在实验过程中，从多个角度照射晶体，并测量屏幕上出现的图像点的强度和位置（右）。利用衍射光束的图像，我们可以解析晶体的三维结构。

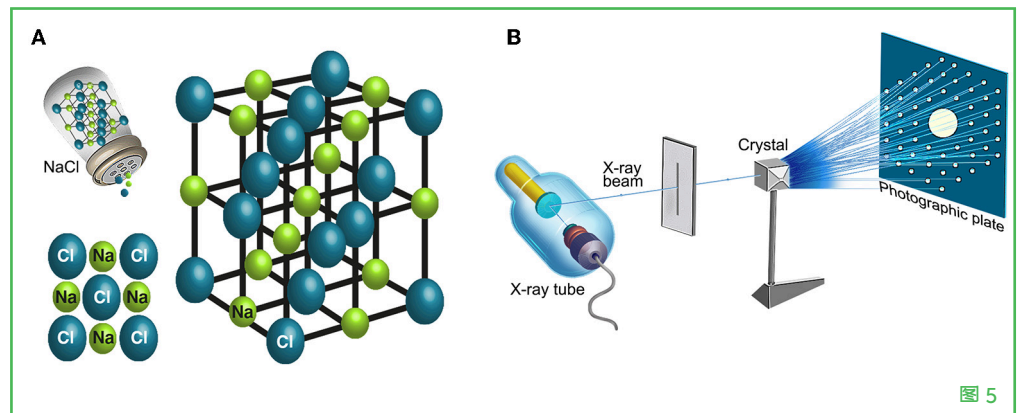


图 5

用 X-射线破译物质结构的首要条件是晶体的制备。有些材料，如糖、食盐和石英石，是天然晶体，这些晶体稳定且坚固。但自然界和人体中的大多数物质和结构，例如蛋白质（如血红蛋白）以及它们的复合物（如核糖体），都不能够自然结晶。因此，我们研究面对的第一个挑战是找到合适的条件，让复杂、灵活且多组分的核糖体能够结晶。因为许多著名的科学家已经尝试过，但都失败了，所以这在以前被认为是一个不可能完成的任务。很长时间内，我们也受阻于核糖体极其复杂的结构，无法将其结晶。在机体内，由于功能需要，核糖体是动态变化的，并且在体外倾向于分解，这使得它们的结晶更加困难。

我们在努力结晶核糖体的过程中所取得的一个重要突破受到了北极熊的启发。事实表明，在北极熊的冬季冬眠期间，它们大部分的核糖体

### 晶体学 (Crystallography)

一种用于确定分子(包括蛋白质和核酸)三维结构的研究方法。它涉及分子晶体的生长,并用X-射线束照射晶体以产生衍射图。该衍射图可用于计算晶胞中原子的位置。晶体学可用于研究蛋白质的功能和相互作用。

### 晶体 (Crystal)

内部原子或分子重复排列的固体物质。这种排列赋予了晶体的特殊性能,例如衍射光子和产生电流。科学家使用晶体来研究诸如金属、有机化合物、蛋白质和DNA等物质内部分子的形状和化学键。这些分子太小而无法用光学显微镜观测。

在整个冬天都保持在一个密集的、几乎是周期性的结构中,直到来年春天从睡眠中苏醒。我们猜测这是为了让北极熊的核糖体在冬天不活跃时避免分裂,这样核糖体就可以在春天继续发挥作用。这告诉我们,在应激或极端条件下,核糖体倾向于以几乎周期性的密集排列,因此我们选择了生活在死海极端压力环境中的细菌,用它们的核糖体来制备晶体。最后,通过紧张的工作,在尝试了不知多少种的实验条件后,我们成功地获得了活性核糖体的稳定晶体。

在生产出晶体之后,我们知道我们将面临另一个困难。我们用来破译核糖体结构的X-射线束具有非常高的能量(在巨大的加速器中产生,例如,格勒诺布尔大学、斯坦福大学或阿贡国家实验室),它会影响核糖体晶体原子之间的化学键,并导致原子迁移。这意味着,当我们照射晶体以收集关于其结构的数据时,我们也在破坏它。因此,在实际操作中,我们至多只能收集到解析核糖体结构所需数据的百分之几。我们知道我们必须找到一种方法,在已结晶的核糖体被破坏之前,从它身上收集到足够的数据。因此,我们尝试制造出能持续时间更长的晶体,这样就可以进行更多的测量。我们开发了一种方法,通过在极低温度下(大约-200摄氏度,通过使用液氮)快速冷冻晶体来减少X-射线照射的损害。在这种条件下,核糖体晶体周围的液体不会形成冰晶,就能最大限度地减少强光照破坏原子的化学键引起的核糖体内原子的移动。通过使用特殊的溶剂混合物,我们建立了一套实验程序,能够最大限度地降低照射对晶体造成的损伤。这套程序能测量冷却晶体中小区域的衍射,同时尽量减少测量过程中的损害,并避免破碎的原子扩散到晶体中尚未被照射的区域。使用以上方法以及魏茨曼科学研究所几年前开发的其他实验策略,我们成功地使核糖体晶体的衍射能力维持了足够长的时间,并最终——20年后,解析了它的结构,理解了它的功能。

在我们项目进行的整个过程中,许多科学家都认为核糖体的结构无法被解析。一些知名科学家甚至因为这个极具挑战的工作而取笑我们。但我们的决心和创造力让我们不断寻找“不合常规”的解决方案,最终成功地完成了使命。尽管科学界对我们的能力存有质疑,对我们的深度冷却方法也充满蔑视,但事实上整个生物晶体学在几个月内就采用了这种方法。我们巨大的成功也催生了一个重要的医学应用,你将在下一节中读到。

## 为健康而战——如何中和细菌

如前文所述,核糖体是每个活细胞至关重要的组成部分。当核糖体的功能严重受损时,细胞就会停止生产蛋白质,无法继续工作。细菌亦是如此。细菌核糖体的功能与人类核糖体相似,但两者结构略有不同。这略有差异的结构足以产生显著的影响:我们可用抗生素破坏细菌,而不会伤害服用抗生素的患者。



抗生素可以分为数个家族。天然抗生素是由细菌产生的，是不同类型的细菌为争夺同一资源“开战”所用的武器。这种抗生素可以瘫痪其他细菌正常活动所需的基本功能，从而赢得战争。其中一个瘫痪目标就是核糖体。尽管与抗生素相比，核糖体体型巨大，但大多数抗生素能结合并阻断核糖体的一个活性位点：例如，它们使大核糖体亚基中的 PTC 失活或阻断 NPET，从而通过中断新生蛋白链的延伸来阻止其生长 (图 4)。另一个核糖体靶点是阻断 mRNA 在小核糖体亚基内的移动。这种阻断会导致 mRNA 无法被正确读取——而这正是合成正常蛋白质的必需步骤。抗生素的靶点还可以是小核糖体亚基的 A 位点，以阻止 tRNA 与核糖体结合。在这种情况下，肽链中的氨基酸无法与下一个氨基酸结合 [4] (点击[这里](#)观看视频)。

事实上，我们的研究结果在医学领域有着重要的应用。你可能听说过，一些病原菌对某些抗生素产生了耐药性，使它们变得更加危险和致命。了解核糖体的结构和功能能够使我们更好地理解不同抗生素是如何起作用的，以及细菌是如何对它们产生耐药性的，从而为防止细菌产生抗生素耐药性提供思路。这个例子可以说明，几十年来我们在破译核糖体的结构和功能方面所投入的巨大毅力和心血是值得的，并且已取得累累硕果。在此，我愿与你们分享我在这一历程中获得的一些感悟。

## 给年轻人的建议

我的主要建议是追随你的好奇心。如果你试图在自己非常热衷的科学领域“开疆拓土”，你可能会在寻求支持时遇到问题——尤其是在刚起步的时候。有些人可能会说你永远不会成功。有些人可能会说你的研究已经误入歧途，甚至可能声称你在浪费公众的钱。我建议你此时要专注于自己的好奇心——即使你还没有达到你所期许的目标，但依然要态度坚决并相信自己。如果你更深入地研究你感兴趣的问题及其背后逻辑，你就会有更大的可能解决它。我的目标是破译核糖体的结构。在整个过程中，我相信即使我没有成功破译它的整个结构，我也会在研究中取得重大的科学进步。甚至在核糖体的结构被破译之前，我的研究就推动了晶体学新方法的开发。这些方法帮助解析了成千上万个以前未知的蛋白结构，拓宽了我们对众多生命活动的理解。

我想与大家分享的另一点是：沿途道路越崎岖，登顶风景越绚丽。因此，要坚定决心，全力以赴克服你前进道路上的困难，相信巨大的成就感正在下一个角落等待着你。

## 致谢

感谢 Zehava Cohen 提供图 1, 图 2, 图 5。感谢“赛先生”公众号及其译者付国斌、计永胜对本文中文翻译的贡献。

## 参考文献

1. Schluzen, F., Tocilj, A., Zarivach, R., Harms, J., Gluehmann, M., Janell, D., et al. 2000. Structure of functionally activated small ribosomal subunit at 3.3 Å resolution. *Cell* 102:615–23. doi: 10.1016/S0092-8674(00)00084-2
2. Zhou, X, Liao, W-J, Liao, J-M, Liao, P, Lu, H. 2015. Ribosomal proteins: functions beyond the ribosome. *Mol. Cell. Biol.* 7:92–104. doi: 10.1093/jmcb/mjv014
3. Bashan, A, Agmon, I, Zarivach, R, Schluzen, F, Harms, J, Berisio, R, et al. 2003. Structural basis of the ribosomal machinery for peptide bond formation, translocation, and nascent chain progression. *Mol. Cell* 11:91–102. doi: 10.1016/S1097-2765(03)00009-1
4. Schlünzen, F., Zarivach, R., Harms, J., Bashan, A., Tocilj, A., Albrecht, R., et al. 2001 Structural basis for the interaction of antibiotics with the peptidyl transferase center in eubacteria. *Nature* 413:814–21. doi: 10.1038/35101544

线上发布: 2024 年 12 月 31 日

编辑: Robert Knight

科学导师: Maribasappa Karched 和 Jessica Lee

引用: Yonath A, Breiner Goldshtein E 和 Segev N (2024) 核糖体——根据遗传密码制造蛋白质的工厂. *Front. Young Minds*. doi: 10.3389/frym.2023.1034112-zh

英文原文: Yonath A, Breiner Goldshtein E and Segev N (2023) The Ribosome – The Factory for Protein Production According to the Genetic Code. *Front. Young Minds* 11:1034112. doi: 10.3389/frym.2023.1034112

利益冲突声明: 作者声明, 该研究是在没有任何可能被解释为潜在利益冲突的商业或财务关系的情况下进行的。

版权 © 2023 © 2024 Yonath, Breiner Goldshtein 和 Segev. 这是一篇依据 [Creative Commons Attribution License \(CC BY\)](#) 条款发布的开放获取文章。根据公认的学术惯例, 在注明原作者和版权所有者, 及在标明本刊为原始出处的前提下, 允许使用、传播、复制至其他平台。如违反以上条款, 则不得使用、传播或复制文章内容。

## 少年审稿人

ANSHUL, 年龄 : 12

你好! 我叫安舒尔, 是 Germantown Academy 的七年级学生, 学校在 Port Washington 附近。我对生物学和昆虫学非常感兴趣。我是 Johns Hopkins CTY 项目的活跃成员, 我的爱好是阅读和观察环境。



JULIANA, 年龄 : 11

朱莉安娜是五年级学生, 对科学和数学充满热情。她对周围的世界一直有着与生俱来的好奇心, 学习了科学方法和假设检验。她最近参加了一个以实验为基础的科学营,





重点学习遗传学和分子生物学。朱莉安娜还喜欢解决代数和几何问题，特别是在坐标平面上的问题。她很高兴与团队合作，为 Frontiers for Young Minds 审阅稿件。



#### SUHAS, 年龄 : 16

我叫苏哈斯，我最喜欢的科目是物理和生物。我热衷于学习地球上生命的生存方式及其多样性。我最喜欢的动物生命领域是海洋生物学。令我着迷的是生命过程如此复杂，但仍然可以揭示它们。我深受诺贝尔奖得主如阿达·尤纳特的启发，她们毕生致力于伟大的科学发现！闲暇时我喜欢打篮球和足球。

## 作者

### ADA YONATH

Ada Yonath 是以色列魏茨曼科学研究所的化学教授。她在耶路撒冷希伯来大学获得了化学学士学位和生物化学硕士学位。随后，她获得了魏茨曼科学研究所的博士学位，在那里她致力于破译胶原蛋白的高分辨率结构。1968 年，Yonath 教授开始在位于美国宾夕法尼亚州匹兹堡的卡内基梅隆大学进行短期博士后研究，在那里她从事破译肌肉结构的工作。在麻省理工学院 (MIT) 的第二个博士后训练期间，她使用 X-射线晶体学研究了葡萄球菌细菌核酸酶 (一种自然分泌的核酸降解酶) 的结构。1970 年，Yonath 教授回到魏茨曼研究所任职，并在以色列建立了第一个生物晶体学实验室。在魏茨曼研究所工作期间，Yonath 教授担任过几个重要的领导职位，包括 Joseph and Ceil Mazer 结构生物学中心主任、Helen and Milton A. Kimmelman 生物分子结构与组装中心主任、结构化学系主任和结构生物学系主任。与此同时，她领导汉堡 DESY 核糖体研究中心长达 25 年。多年来，Yonath 教授获得了许多奖项和奖励，包括 Il-Pis 高级研究杰出成就奖 (1967 年)、第一届欧洲晶体学奖 (2000 年)、基尔比国际奖 (2000 年)、以色列晶体学学会荣誉会士 (2001 年)、以色列化学研究奖 (2002 年)、L'Oréal-UNESCO 奖 (2008 年) 和因破译核糖体结构获得的诺贝尔化学奖 (2009 年)。

\*[Ada.Yonath@weizmann.ac.il](mailto:Ada.Yonath@weizmann.ac.il)



### ELINOR BREINER GOLDSHTEIN

Elinor Breiner Goldshtein 是默克公司生命科学研发团队的研究员。该团队为全球研究市场开发蛋白质和酶。她在以色列理工学院获得分子生物化学学士学位，在特拉维夫大学获得化学硕士学位，并在魏茨曼科学研究所结构生物系 Ada Yonath 教授的指导下获得化学博士学位。

### NOA SEGEV

Noa Segev 是科学作家，也是“青年思想前沿”的项目协调员。她在耶路撒冷希伯来大学获得物理学学士学位，在以色列理工学院获得可再生能源工程硕士学位。自 2019 年以来，她一直在采访诺贝尔奖得主，并为诺贝尔奖文集 Frontiers for Young Minds 合著作文。Noa 旨在让所有人都能了解诺贝尔奖背后的科学，并分享诺贝尔奖获得者丰富和专业的宝贵见解。\*[noasegev@gmail.com](mailto:noasegev@gmail.com)

