



扫二维码 看科学报



扫二维码 看科学网

“南海深海过程演变”亮点成果报告会在沪举行

南海,海洋科学的天然实验室

■本报记者 陆琦 黄辛

中科院院士汪品先一直有个愿望:“希望把国家级的基础研究,用尽量通俗的语言既向学界也向社会汇报。”

8月14日,他的这个心愿实现了——国家自然科学基金重大研究计划“南海深海过程演变”(以下简称南海深部计划)亮点成果报告会在同济大学举行。这场用通俗的语言和生动的图像来表达的报告,让在场听众对南海的“生命史”有了全面的认识。

两个“突破”和一个“首次”

“计划获得了超越预期的成果,取得了学术层面的突破。”作为指导专家组组长,汪品先如此评价南海深部计划。

上世纪80年代以来,欧美学者认为南海的形成过程就是大西洋的翻版,只是规模小、年代短而已。中科院南海海洋研究所特聘研究员林间通过视频介绍,按照大西洋模式,在大洋和大陆地壳的连接处要有长期侵蚀的地幔岩,但是大洋钻探367/368/368X三个航次,钻并取上来的却是玄武岩,因而否定了原先的假说。

“南海不是小大西洋。”林间表示,表面看来有些相似,但其实这是两种根本不同的海盆形成机制,大西洋是“板内裂谷”,南海是“板缘裂谷”。“南海的研究指出国际文献和产业部门实践中将两者混淆的错误,提出西太平洋边缘海是‘板缘裂谷’形成的系列,有待采用新视角、新技术加以重新认识。”

除了海盆形成的“板缘裂谷”,南海深部计划的另一项挑战传统认识的突破性进展是气候演变的“低纬驱动”。

同济大学海洋与地球科学学院教授鞠鹏介绍,南海的研究提出了气候演变“低纬驱动”的观点,指出西太平洋边缘海是“板缘裂谷”形成的系列,驱动力的周期性有所不同,换句话说低纬降水周期的变化并不一定是由高纬冰盖决定的。

“其实太阳辐射量集中在低纬区,低纬过程是气候干湿、旱涝灾害的源头,但长期以来不受重视,注意力集中在北半球的高纬冰盖上。”鞠鹏进一步指出,低纬海区更大的变化不在表层,而在于次表层水;轨道周期不但有万年等级的冰期旋回,还有40万年季风气候的长周期,当前的地球就处在低谷期,在全球气候变化的长期预测中应当注意。

与上述两个突破性成果并列的,是一个“首次”。汪品先告诉《中国科学报》,边缘海很多,而南海深部计划这样,对于深水边缘海盆地的水、碳循环集中进行系统观测研究的,尚属首次。

不同学科在深海交汇

南海深部计划的一大特色,在于学科交叉。该计划的设计,是通过多学科的共同探索解剖一只“麻雀”,从3方面揭示一个边缘海的“生命史”:深海盆的形成演变为“骨”,深海沉积其所含的环境信息为其“肉”,海水的生物地球化学系统为其“血”。

2011年至2018年,南海深部计划历时8年,又经过2019年的补充、集成,共立项60个,来自全国各地的32家单位的700多人直接参与研究,这是我国地学界海洋基础研究规模最大,也是科学收获最大的计划。

8年来,经过3个半航次的大洋钻探、近底磁力测量航次和多个海底地震仪(OBS)阵列试验、数以百计的深海潜标长期观测、4个深潜航次和每年的共享航次等海上工作,以及大量的实验室分析和数据处理,对南海深部进行了系统观测,从海盆成因与演变机制,到深海系统的运行模式都取得了新的认识,使得南海成为世界深海研究程度最高的大型边缘海。

“‘学科交叉’不应只是一句口号,关键在于实施。”令汪品先自豪的是,南海深部计划以科学问题带动多学科交叉,计划立项就要求不同学科在

深海交汇,从而跨越了古今界限、海陆界限、地球和生命科学的界限等等,一些新的认识如碳循环周期的“溶解有机碳假说”也因此产生。

更令汪品先欣慰的是,该计划使我国取得了南海科学研究的主导权,形成了我国多学科结合的深海科学队伍,在重大基础科学问题上形成了自己的观点。

科学问题的“连锁反应”

随着科学研究的深入,往往又会带出新的科学问题,南海深部的研究正是如此。

南海深海盆地张裂机制的新假说,引出了西太平洋边缘海系列共同成因问题;南海深部构造探索的深入,揭示出深海盆地周边边缘的多样性,每个都可以成为被动边缘剖析的典型;低纬过程驱动全球气候的研究,提出了水文循环和碳循环一整套的新课题,进一步的研究方兴未艾;巴士海峡是南海与大洋唯一的深水通道,加上深海底部崎岖不平的地形,为深层海水运动机理提供了试验场;已有的观测和研究基础,又为大洋和大陆相互作用下,生物泵和微生物泵的结合、碳循环和氮循环的结合,提供了深入研究的基地……这一系列科学问题让越来越多的科学家想去南海“大显身手”。

“在世界众多的深海盆地中,南海已经脱颖而出,成为海洋科学研究的天然实验室。”汪品先骄傲地说。

此外,由于8年来工作主要集中在南海北部,南海南部的研究尚待开展。汪品先坦言,只有南北结合,才能取得南海深部完整的图景。

他表示,我国将组织更强的研究队伍,以更大的投入推进南海深部研究,而且将与“一带一路”建设有效衔接,加强国际合作,争取使南海深部成为国际海洋科学的天然实验室,使南海深部计划成为多学科、多系统科学合作的范例。

第19届中国青少年机器人竞赛开幕

本报讯(见习记者高雅丽)8月13日,由

中国科协、重庆市人民政府共同主办的第19届中国青少年机器人竞赛暨2019世界青少年机器人邀请赛在重庆开幕。来自31个国家和地区的青少年和教练员代表,以及评审专家、裁判员、国内外观摩人员参加开幕式。

第19届中国青少年机器人竞赛设有综合技能比赛、创意比赛、FLL机器人工程挑战赛、VEX机器人工程挑战赛、教育机器人工程挑战赛5个赛项,来自全国各地的525支队伍参赛。2019世界青少年机器人邀请赛设有WRO常规赛、VEX IQ挑战赛和MakeX机器人挑战赛3个赛项,共有国内外113支队伍参赛。竞赛期间,将通过场地对抗赛、评委问答等方式对各参赛队创新思维、实践操作、团队合作等方面进行测评,最终产生各赛

项不同年龄组的冠军队和各奖项。

本届竞赛首次采取“赛+展+会”的模式,打造青少年机器人竞赛嘉年华和青少年科技教育交流平台。竞赛同期首次举办机器人教育产业展览和主题论坛。竞赛期间,将举办中外参赛学生“友谊之夜”等活动,增进中外青少年科技爱好者交流。

据悉,中国青少年机器人竞赛创立于2001年,是中国科协面向全国中小学生开展的一项融知识积累、技能培养、探究性学习为一体的普及性科技活动。经过近20年的发展,中国青少年机器人竞赛已成为国内规模最大、组织最为规范、影响力最广的青少年科技竞赛活动之一,在普及机器人工程技术知识、推广机器人教育等方面发挥了重要作用,培养出了一大批优秀青少年科技创新人才。

多晒太阳不易得稻瘟病机制获揭示

本报讯(记者李晨 通讯员陈洁)稻瘟病是水稻生产上的毁灭性病害,在阴雨连绵、光照不足时常常大暴发,但其机制至今尚不清楚。近日,南京农业大学张正光课题组研究发现,有些水稻品种在光照较弱时,稻瘟病发病严重,而光照强时,则发病弱。相关研究成果发表于美国《国家科学院院刊》。

研究表明,水稻体内有一种专门负责吸收和传递光能的水稻捕光复合体(LHC)家族,其成员之一LHCb5,正常情况下会与其工作伙伴PsbS(一种电子转运相关蛋白)一起在叶绿体中组团工作。张正光团队发现,在光照条件下,稻瘟病菌入侵水稻时,LHCb5的第24位苏氨酸发生磷酸化,在水稻体内拉起“战时警报”。

张正光介绍,水稻“战时警报”状态下,LHCb5会一反常态,加速向叶绿体中积累,撇开老朋友PsbS,自身以“三人特别行动队”的方式快速聚合。大量特别行动队在

叶绿体中快速集合“巡逻”和“戒严”,导致叶绿体正常的电子行动不便,转运速率下降,这些电子在叶绿体中大量积累,与氧气合作,诱发叶绿体中活性氧的迸发,唤醒了叶绿体内专门的抗病相关基因,从而提高了水稻对稻瘟病菌的抗病性。

该研究同时分析了3000份水稻种质资源,发现LHCb5基因的启动子区域存在丰富的多态性位点(SNPs),不同的SNPs决定着LHCb5基因转录水平的高低,并且在梗稻和籼稻品种中存在混合型的位点,梗稻中LHCb5的转录水平显著高于籼稻品种。

论文第一作者、南京农业大学植保学院刘木星解释道,进一步对200多份水稻材料进行转录水平和抗性关联性分析,发现LHCb5的转录水平与抗性呈正相关,且LHCb5超表达的转基因水稻对稻瘟病菌不同的小种表现出广谱抗性。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1073/pnas.1905123116>

大塔穆火山形成机制有新认识

本报讯(记者徐海、朱汉斌 通讯员李淑)记者近日获悉,中科院南海海洋所林间团队张锦昌副研究员与多国科学家合作,通过详细分析最新采集的海洋磁测数据,获得了西太平洋大塔穆火山形成机制的新认识,相关成果发表在《自然—地球科学》上。

西太平洋是巨型海底火山最密集的区域,其中大塔穆火山被誉为地球上最大的火山,然而学者对这座火山是怎样形成的一直存在疑惑。2015年,国际科研团队前往大塔穆火山采集高密度的海洋磁测数据。经过几年的科研攻关,研究人员成功绘制出最新、最详尽的大塔穆火山磁异常图,并反演出火山内部的磁性结构。

这次研究发现大塔穆火山具有显著的条带状磁异常特征,是海底扩张过程的岩浆产物。这个新认识挑战了之前广泛接受的地

幔柱成因假说。尽管大塔穆火山壳厚度巨大并呈现超陡倾角火山盾,但是熔岩喷发始终被约束于洋中脊,不会流出脊中心很远,进而产生线性、横向的火山结构。

研究人员表示,大塔穆火山形态上是盾状火山,但是表面熔岩没有大面积、长距离扩散,而且内部结构也不是轴向叠加而成。同时,该火山构造是洋中脊模式,但是地壳较厚,而且地壳厚度随着时间推移发生巨大变化,说明岩浆供应量极其不稳定。因此,大塔穆火山既不是典型的盾状火山,也不是典型的洋中脊,也许它是一个混合型的巨型海底火山类型。这种新型的火山能否被重新定义、地球上最大的单体火山这个命名是否仍然准确,有待日后进一步查明。

相关论文信息: <https://www.nature.com/articles/s41561-019-0390-y>

我国云平台安全情况较去年进一步加剧

据新华社电 国家互联网应急中心8月13日发布的《2019年上半年我国互联网网络安全态势》显示,2019年上半年,发生在我国云平台上的网络安全事件或威胁情况相比2018年进一步加剧。

根据国家互联网应急中心监测数据,发生在我国主流云平台上的各类网络安全事件数量占比仍然较高,其中云平台上遭受分布式拒绝服务攻击(DDoS攻击)次数占境内目标被攻击次数的69.6%,被植入后门链接数量占境内全部被植入后门链接数量的63.1%,被篡改网页数量占境内被篡改网页数量的62.5%。

报告指出,攻击者经常利用我国云平台发起网络攻击,其中利用云平台发起对我国境内目标的DDoS攻击次数占监测发现的DDoS攻击总次数的78.8%,发起对境内目标DDoS攻击的IP地址来自我国境内云平台的IP地址占72.4%,承载的恶意程序种类数量占境内互联网上承载的恶意程序种类数量的71.2%,木马和僵尸网络恶意程序控制端IP地址数量占境内全部恶意程序控制端IP地址数量的84.6%。

对此,报告认为,云服务商和云用户应加大对网络安全的重视和投入,分工协作提升网络安全防范能力。(王思北)

千乘一号01星即将发射

本报讯8月13日,记者从中国民营卫星研发企业北京千乘探索科技有限公司获悉,由该公司自主研发的千乘一号01星在酒泉卫星发射中心完成了15天发射场工作,各项技术指标正常,将于近日作为中国航天科技集团公司捷龙一号遥一火箭的主星发射入轨,进入540公里高度的太阳同步轨道。

据介绍,千乘一号01星作为中关村国家自主创新示范区核心区大力发展高精尖产业、推进科技创新的成果之一,被北京市海淀区政府命名为“海创千乘”号卫星。千乘一号01星整星重量65公斤,是目前国内商业航天领域发射的质量最大的卫星,

同时具备遥感和通信功能。

千乘探索公司创始人苗建全介绍,公司用14个月完成了该星的全部自主研发工作,包括近百台套星上产品研发、十余项大型地面试验,累计加电测试时间近千小时,开展了十余项技术创新,千乘一号01星的性能指标和产品质量达到了预期目标。

据介绍,千乘一号01星发射入轨后,将由千乘探索公司部署在北京和内蒙古的两套自有地面站,以及中关村前沿技术创新中心的千乘测控北京指控中心负责测控和长期在轨运营,全部软件系统均具有自主知识产权。(郑金武)



千乘一号01星出箱
千乘探索公司供图



8月14日拍摄的雄安新区朱各庄乡马庄村治理后的坑塘。
雄安新区2018年启动纳污坑塘治理工作以来,已经完成800多个坑塘的垃圾处理、污水过滤和环境治理等工作。目前纳污坑塘治理已经进入生物修复阶段,预计2019年年底完成项目交付。
新华社记者邢广利摄

科学家构建藏族人群适应性遗传变异图谱

本报讯(记者黄辛)中国科学院—马普计算生物学研究所徐书华团队通过研究分析藏族人群全基因组水平的适应性遗传变异图谱,首次系统地构建藏族人群基因组中与适应性进化相关的功能性变异呈现出来。相关研究成果近日在线发表于《国家科学评论》。

经过国内外近10年的密集研究,人们对藏族高原适应的遗传学基础有了一些初步的认识;其中EPAS1是目前普遍认为的藏族适应高原的关键基因。由于在其他高原物种中也发现了EPAS1的适应性进化迹象而备受关注。但是迄今未能确定EPAS1基因中与藏族高原适应的功能性变异,这为理解人类在青藏高原上的适应性进化机制留下未解难题。

为此,徐书华团队与中科院昆明动物研究所、温州医科大学、复旦大学、西藏民族大学等多家单位的研究人员合作,在全基因组水平对藏族人群的高原适应性变异进行了系统性梳理,充分利用深度基因组测序数据的优势,构建了藏族人群全基因组尺度上的适应性遗传变异图谱,鉴定了有相对明确功能的关键遗传变异,包括63个错义突变、7个失活性变异、1298个进化保守性变异,以及509个基因表达数量性状变异。这些分布在基因组范围的功能性变异不一定都与藏族人群的高原适应直接相关,但是大多数都与藏族人群的适应性

演化密切相关。

高原适应涉及一系列复杂性状,牵涉到的基因错综复杂。研究团队进一步发展了一个新统计量(FIS)对鉴定出的适应性遗传变异的相对重要性进行加权排序,发现排在首位的并不是通常认为的EPAS1,而是位于EPAS1下游的一个跨膜蛋白编码基因TMEM247;尤其是发现藏族人群基因组中的TMEM247存在一个高频关键错义变异(rs116983452),可能对藏族人群高原适应具有重要贡献和意义。

“我们新发现的TMEM247基因关键突变导致平原人群中高频存在的丙氨酸(Ala)(野生型)与青藏高原人群特有的缬氨酸(Val)(突变型)之间的显著分化,其中94%的藏族人都携带突变型,而在世界其他现代人群体中的频率非常低或者完全缺失,是迄今为止在青藏高原人群基因组中发现的最高频的错义突变。”徐书华告诉《中国科学报》。

有趣的是,在西伯利亚丹尼索瓦洞穴中发现的距今约5万年的一个古人基因组也携带了这个变异,并且为纯合状态。研究人员通过计算推断藏族人群中携带TMEM247-rs116983452适应性变异的序列可追溯至距今约6万年前,这意味着这个藏族特异的高频突变可能继承自早期进入高原的具有古人血统的祖先并传承至今。

事实上,人类征服青藏高原的历史悠久而曲

折。徐书华团队之前的研究表明,早期进入青藏高原的人类族群间发生了广泛的基因交流,并与后期进入青藏高原的族群发生进一步基因交流。在这个过程中,一些曾经帮助人类适应高原环境的古人基因片段得以保留下来,因高原极端环境的自然选择作用,在现今高原人群中积累到较高的频率。TMEM247-rs116983452-T就是一个典型的例子。

而且,分析表明,TMEM247-rs116983452-T发生的频率与人群居住地海拔显著正相关,提示与人类在青藏高原的适应可能有密切关系。进一步结合基因表达与多项生理生化表型及体质人类学特征,研究人员发现TMEM247-rs116983452-T与TMEM247及EPAS1的表达水平都有密切相关,并可能对藏族人群低氧环境下的血红蛋白和红细胞水平等高原适应性性状产生重要的调控。通过统计模型分析,研究人员发现TMEM247-rs116983452对藏族高原适应性表型的解释度高于EPAS1的变异位点,但二者之间可能存在一定的相互作用,体现了高原适应的复杂性和多基因相互作用效应。

徐书华表示,该研究提供的基因组适应性变异图谱为后续进一步全面深入研究藏族适应高原的遗传基础和分子机制锁定了目标,为揭开人类征服高原极端环境的演化之谜开启了新的视野。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1093/nsr/nwz108>