

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《科学》

新研究提高钯催化剂效率

美国威斯康星大学麦迪逊分校的 Shannon S. Stahl 课题组近日在提高钯催化剂催化 C-H 活化反应效率的研究中取得重要进展。相关成果发表于《科学》。

在该研究中，团队首先探讨了典型的钯催化 C-H 键氧化芳基化反应的机理，并阐明了破坏催化剂性能的机理特征，包括消耗底物的副反应和猝灭催化剂使其成为非活性物质的反应。基于以上了解，研究人员通过对钯助催化剂的系统性修饰克服了这些弊端。在反应中，使用 2,5-二叔丁基-1,4-苯醌作为助催化剂，可以有效地利用分子氧作为氧化剂，反应收率高，且钯催化剂的循环次数达 1900 次以上。

据介绍，钯催化的 C-H 氧化反应可以简化药物、农药和其他复杂有机分子的合成。然而，现有的方法通常表现出较差的催化活性，且存在高钯负载和需要(超过)化学计量比的有毒氧化剂如苯醌和银盐等缺点。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1126/science.abd1085>

《细胞—干细胞》

膜张力调控多能干细胞命运

英国剑桥大学 Kevin J. Chalut、伦敦大学学院 Ewa K. Paluch 等研究人员合作发现，膜张力参与细胞外调节蛋白激酶(ERK)介导的多能细胞命运调节。相关研究论文 11 月 20 日在线发表于《细胞—干细胞》。

为了探究形状、力学和细胞命运之间的相互作用，研究人员使用了小鼠胚胎干细胞(ESC)，它们在进行早期分化时会改变形状。研究人员发现其形状的变化是由 β-连环蛋白介导的 RhoA 活性下降以及随后质膜张力下降调节的。

值得注意的是，防止膜张力的降低会导致 ESC 和类胚体的早期分化缺陷。膜张力的降低促进了成纤维细胞生长因子(FGF)信号成分的内吞作用，从而激活 ERK 信号并指导从 ESC 状态退出。增加 Rab5a 促进的内吞作用可挽救有缺陷的早期分化。

因此，研究人员表明内吞作用的机械触发增加调节早期分化。这些发现对于理解细胞力学如何调控生化信号以及调控细胞命运至关重要。

研究人员介绍，细胞命运的转变通常伴随着细胞形状和力学的变化。然而，人们对细胞力学如何影响控制细胞命运的指导性信号的了解却很少。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.stem.2020.10.018>

《细胞—代谢》

GDF-15 阻滞可减轻铂类化疗药副作用

美国辉瑞公司 Danna M. Breen 小组近日取得一项新成果。他们发现在小鼠和非人类灵长类动物中，生长分化因子 15(GDF-15) 可减轻铂类化学药物引起的呕吐、厌食以及体重减轻。这一研究成果近日在线发表于《细胞—代谢》。

研究人员探究了在小鼠和 / 或非人类灵长类动物模型中，GDF-15 阻滞对铂类化学药引起的呕吐、厌食和体重减轻的影响。研究发现，在接受铂类化学疗法治疗的癌症患者中，循环系统中 GDF-15 的含量较高，并且与大肠癌患者的体重减轻呈正相关。

此外，与高催吐药评分相关的化学治疗剂可诱导小鼠循环 GDF-15 升高和体重减轻。在 GDF-15 敲除的小鼠中，铂类药物引起的厌食症和体重减轻得到缓解，并且单克隆抗体 mAB1 中和 GDF-15 可以提高存活率。在非人类灵长类动物中，mAB1 治疗可减轻厌食和呕吐。这些结果表明，GDF-15 阻滞是减轻化疗引起的副作用以及改善生活质量的潜在方法。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.cmet.2020.10.023>

更多内容详见科学网小柯机器人频道：
<http://paper.scientenet.cn/AInews/>

中科院广东省全面战略合作领导小组会议召开

(上接第 1 版)

白春礼强调，要坚定不移贯彻落实党中央决策部署，激发“闯”的精神；要着眼于科技经济社会发展战略性问题，铆足“创”的劲头；要积极把握时代赋予的特殊机遇，坚持“干”的作风。他希望院省双方继续加强合作，共同支撑好粤港澳大湾区国际科技创新中心和综合性国家科学中心先行启动区建设，为国家战略部署的实施提供有力科技支撑。

广东省科技厅厅长龚国平作省院全面战略合作工作报告，中科院条财局局长、科创办主任郑晓年作共建粤港澳大湾区国际科创中心工作进展报告，分别对院省合作的工作成果和院省共同推动粤港澳大湾区国际科技中心建设情况进行了总结汇报。

会上，在白春礼、马兴瑞见证下，中科院党组成员、副院长张涛分别与深圳市副市长艾学峰、东莞市市长肖亚非签署《中国科学院深圳市政府共同建设综合性国家科学中心先行启动区合作协议》。根据协议内容，院省双方将充分发挥全面战略合作优势，以深圳光明科学城、深港科技创新合作区深圳园区、东莞松山湖科学城为载体，着力加强基础与应用基础研究、关键核心技术攻关和高水平创新平台建设，推动全链条成果转化和人才集聚高地建设，服务粤港澳大湾区高质量发展，共同建设综合性国家科学中心先行启动区，为粤港澳大湾区国际科技创新中心建设打下坚实基础。

院省相关领导和部门有关负责同志参加会议。

藻类 DNA 中潜伏巨型病毒基因组

感到很惊讶。

弗吉尼亚理工学院微生物学家 Frank Ayward 及其博士后 Mohammad Moniruzzaman 对这一谜团进行了研究，将在巨病毒 DNA 中发现的基因与之前在其他基因组中发现的基因进行了匹配。“病毒匹配不断出现在藻类基因组中。”Ayward 说。

“这些病毒为宿主贡献的 DNA 数量和基因多样性令人震惊。”未参与这项工作的美国康奈尔大学基因组生物学家 Cedric Feschotte 说，“大量遗传物质的注入”可能会影响宿主的新陈代谢和生存。

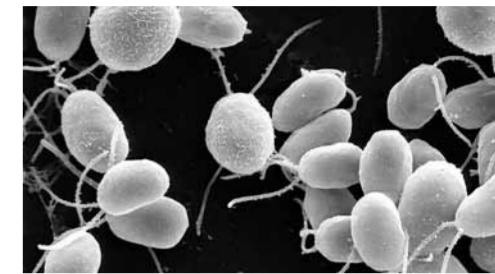
典型的病毒没有足够的基因以独立生存，它们必须依赖其宿主——无论细菌、人类细胞还是其他有机体。病毒通过让宿主复制它们的遗传物质和制造自我复制所需的蛋白质进行繁殖。因此，今年早些时候，当发现巨型病毒含有似乎不需要的基因，即对细胞代谢很重要但对病毒代谢不重要的 DNA 片段时，研究人员

研究人员发现，其中一些巨型病毒可能已经存在了数百万年。事实上，一些病毒 DNA 在基因中获得了被称为内含子的非编码 DNA。它们的一些基因现在被复制或丢失了，这种变化不太可能发生在仅漂浮于藻类细胞中的病毒身上。

“他们提出了一个确凿的案例，即鉴定的病毒序列很可能是宿主基因组的一部分。”德国马克斯·普朗克医学研究所环境病毒学家 Matthias Fischer 表示。

“我对这种巨型病毒(合并)能够发生并广泛传播感到惊讶。”植物和微生物学研究所微生物学家 Chuan Ku 补充说。Ku 已经搞清了一种感染名为 *Emiliania huxleyi* 的微小藻类的巨型病毒的生命周期。“研究这种(结合)是否会促进宿主基因组进化产生持久的影响是很有意义的。”

藻类中的病毒 DNA 甚至可包括从其他藻类中截取的基因。因此，加拿大达尔豪斯大学进化生物学家 Andrew Roger 说，这些巨型病毒可能是在物种间传递基因的一种方式。所有



绿藻基因组中有时含有整个巨型病毒的 DNA。
图片来源：AMI IMAGES

这些新的 DNA 可以使宿主基因组发挥新功能，提高藻类生存能力，并可能塑造了藻类的多样性和分布。

“这些相互作用从生命开始就一直在进行。”Fischer 补充道，“它们继续在细胞进化中扮演重要角色。”

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2924-2>

科学此刻 ■

饥饿的毛虫
爱打架

当生物处于过度饥饿状态时会怎样？对于帝王毛虫来说，饥饿会点燃它们的怒火，这些毛虫会愤怒地用头撞向其它毛虫，试图获取食物。

“食物越少，它们的攻击性就越强。”美国佛罗里达大西洋大学的 Elizabeth Brown 说。

遍布北美和中美洲的帝王毛虫十分挑食，它们通常只吃马利筋叶。Brown 和她的团队在实验中为这些毛虫提供了 3 份数量不同的马利筋叶做食物，结果发现，当叶片稀少时，它们彼此攻击的次数明显增多。

Brown 说，其中那些体形较大的帝王毛虫(处于蛹变成蝶之前的最后阶段)通常攻击性最高，可能因为它们需要更多的食物。

“毛虫间的胜利者和失败者划分很明显，因为这通常与它们的体形大小相匹配。”Brown 说。

研究小组近日在 *iScience* 上发表研究称，

图片来源：pixabay.com

饥饿的毛虫只有在它们的目标积极进食时才会进行攻击，而这在休息的毛虫身上从未发生过。这种攻击性毛虫试图破坏其他毛虫进食，进而为自己寻找食物来源。

“你经常可以看到一条毛虫把整株植物的叶子都吃光了。所以，如果有 3 只毛虫在同一株植物上，对于它们来说食物消耗会很大。”研究小组成员 Alex Keene 说。

许多动物在争夺食物时变得好斗。研究员希望通过研究毛虫，进一步了解攻击性的遗传基础。

“从这个与生态相关的昆虫模型中，我们可以了解到很多关于动物的更复杂的知识。”Keene 说。

相关论文信息：

<https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101791>

刚果(金)埃博拉疫情结束



在刚果民主共和国，一名医护人员正在为民众接种埃博拉疫苗。图片来源：JC Wenga

本报讯 近日，刚果民主共和国正式宣布，该国第 11 次埃博拉疫情在暴发近 6 个月后结束，这是多年来这个中非国家首次摆脱致命出血热。

该国卫生部长 Eteni Longondo 和世界卫生组织于 11 月 18 日宣布了这一消息，此前该国西部赤道省已连续 42 天(即埃博拉病毒的两个最大潜伏期)没有记录到这种病毒性疾病的新增病例。在这次疫情中，有 119 例确诊病例和 11 例疑似病例，其中 55 人死亡、75 人康复。

6 月 1 日宣布的这次暴发，发生在刚果民主共和国宣布的另一场埃博拉疫情结束之前不久。后者发生在该国东部数百英里之外，在近两年里导致 2280 人死亡。基因测序显示，这两种病毒株不相关。

最近的疫情蔓延范围很广，跨越了茂密的

雨林、偏远的水路以及繁忙的城市地区。专家表示，由于“冷链”疫苗储存技术，以及社区卫生工作者为 4 万名高风险人群接种的疫苗，疫情得以停止。

世界卫生组织的 Ngoy Nsenga 表示：“就可获得性而言，那里的地理位置导致这非常困难。应对疫情需要紧急物流，所以这种超级链技术非常重要。”

这里使用了一种被称为 Arktek 的圆柱形“超级保温瓶”设备，在没有外部电源的情况下，这种设备可以在 -80°C 的温度下储存 500 剂疫苗，最多可保存 1 周。这既符合默克公司埃博拉疫苗的低温要求，也符合辉瑞和生物科技公司新研制的新冠疫苗的低温要求，这对于基础设施欠发达的低收入国家来说是个好消息。(唐一尘)

峰会首日，沙特举办了一场“大流行病的防范与应对”边会。二十国集团领导人与国际组织代表在会上强调，必须继续加强协调应对新冠疫情大流行，特别是支持最脆弱群体，同时增加疫情防控相关支出，用于疫苗等的进一步研究和创新。

会后发表的声明说，世界正在经历一场规模空前和异常严重的卫生和经济危机。二十国集团领导人在今年 3 月沙特主持召开的应对新冠肺炎特别峰会上承诺，尽一切努力战胜疫情，与国际社会一道保护生命。今天二十国集团领导人再次聚首，目标是确保采取必要的后续行动，建设一个更安全的世界，塑造一个包容、可持续和有韧性的未来。

沙特国王萨勒曼在边会上呼吁关注世界上最脆弱群体，为世界上所有国家提供支持。

二十国集团于 1999 年成立，由中国、阿根廷、澳大利亚、巴西、加拿大、法国、印度、印度尼西亚、意大利、日本、韩国、墨西哥、俄罗斯、沙特阿拉伯、南非、土耳其、英国、美国以及欧盟等 20 方组成。

(涂一帆)

环球科技参考

中国科学院成都文献情报中心

CRISPR 平台加速筛选
SARS-CoV-2 潜在治疗靶点

该技术平台来自 6 个国家 14 个领先研究机构的近 200 名研究人员组成的国际团队的关键研究工作做出过巨大贡献，有助于开发广泛的预防冠状病毒感染的方案。(吴晓燕)

借助深度学习开发合成生物学新工具

美国哈佛大学怀斯研究所和麻省理工学院的两个科学家小组开发了一套机器学习算法，可以分析大量基于 RNA 的“toehold”序列，并预测哪些序列对感应和响应所需的目标序列最有效。该算法可以推广到合成生物学中解决其他问题，加快生物技术工具的发展，推动科学和医学研究进步。

toehold 开关是一种可编程的工程 RNA 元件，能检测小分子、蛋白质和核酸。但目前该工具在实际应用中往往不能达到预期效果。研究者希望通过增强深度学习的模式识别来改善这种情况。研究者利用深度神经网络(DNN)来预测作为合成生物学中典型核糖体转换模型的 toehold 开关功能。为了促进 DNN 训练，研究者合成并表征了涵盖 23 个病毒基因组和 906 个人类转录因子的 91534 个 toehold 开关的数据集。经过核苷酸序列训练的 DNN 表现优于先前的最新热力学和动

力学模型，并通过人类容易理解的可视化方法识别成功和失败的模式。

实验室研究者建立了两个优化模型。第一个模型主要基于卷积神经网络(CNN)和多层次感知器，将 toehold 序列视为一维图像或核苷酸碱基行，识别碱基模式以及这些碱基之间的潜在相互作用，预测良好和欠佳的 toehold 序列。

基于该模型的优化方法叫做基于序列的 toehold 优化和重新设计模型(STORM)，STORM 可以从头开始对 toehold 序列进行完全重新设计，最适合生成新的 toehold 开关，以执行特定功能，作为合成遗传电路的一部分，能够创建复杂的生物工具。

第二种模型基于自然语言处理(NLP)，并将每个 toehold 序列视为由“单词”模式组成的“短语”，最终学习了如何将某些单词组合在一起以构成连贯的短语。将基于 NLP 的模型与基于 CNN 的模型集成在一起，创建了被称为核酸语音的优化方法，可以重新设计给定 toehold 开关的最后 9 个核苷酸，同时保留其余 21 个核苷酸。该技术允许创建旨在检测特定病原性 RNA 序列的存在的 toehold 开关，并可以用于开发新的诊断测试。

该团队通过优化旨在检测 SARS-CoV-2 病毒基因组片段的 toehold 开关来验证这两种

优化方法。

研究人员开发超级酶

英国朴次茅斯大学酶创新中心的 John McGeehan 团队发现并设计了可以将聚对苯二甲酸乙酯(PET)分解为单体的 PETase 酶，创造了无限回收塑料的可能，同时可以减少塑料污染并减少温室气体的排放。但是 PETase 酶的分解速率还不足以使其得到商业化应用，处理掉地球上的大量 PET 塑料废物。

McGeehan 团队设计出了新的嵌合酶，将 PET 塑料自然分解的速度提高了 6 倍。

伊氏杆菌分泌一种双酶系统，可以将 PET 解构为其组成单体。具体来说，就是 PETase 解聚 PET 释放出可溶产物，包括(2-羟乙基)对苯二甲酸酯(MHET)，该产物被 MHETase 裂解为对苯二甲酸和乙二醇。研究团队将 PETase 与 MHETase 简单混合后发现 PET 分解速度提高了 1 倍。研究者再用同步加速器研究 MHETase 的 3D 结构，探索其结构及功能的关系。在此基础上设计 PETase 和 MHETase 两种酶之间的连接，创造出的嵌合酶的活性是单独酶的 3 倍，使 PET 塑料自然分解的速度提高了 6 倍。(吴晓燕)