主编 / 肖洁 编辑 / 许悦 校对 / 何工劳、唐晓华 Tel:(010)62580618 E-mail:news@stimes.cn

追野骆驼的人

■本报记者 赵广立 实习生 边歌

▲野骆驼。
◀刘少创(左)和队员观察野骆驼蹄印。 受访者供图

大漠深处，沙丘如同凝固的金色波浪绵延到天际，不远处一群野骆驼在悠然漫步，它们的耳朵不时转动，警惕着在暗处窥伺的沙漠狼群。

10 多年前，中国科学院空天信息创新研究院研究员刘少创在罗布泊深处参加“玉兔号”月球车外场试验时，被这神秘又摄人心魄的景象深深吸引。那时的刘少创未曾想到，他的命运会与这片荒漠交织，他的名字将与野骆驼保护事业紧密相连。他更不曾想到，会在年届退休时，因“运用创新技术拯救濒临灭绝的野骆驼”项目摘得劳力士雄才伟略大奖，成为首次获得该奖项的中国科学家。

近日，刘少创接受了《中国科学报》专访，讲述了他和野骆驼的故事。

与野骆驼“一见钟情”

野骆驼，学名野生双峰驼，是生活在亚洲腹地的大型哺乳动物之一，现仅分布于中国西北部和蒙古西南部 20 万平方公里的地区。它们与家骆驼不同，两者间基因差异达 2%~3%，因此被视为不同的物种。

生长在沙漠深处的野骆驼，不仅是浩瀚大漠中的行者，更是极端环境下生存的勇者。然而，这群顽强的生物却因生境破坏、狼群侵扰、非法穿越及非法采矿等正面临灭绝的风险。刘少创告诉《中国科学报》，如今野骆驼的数量不足 1000 峰，比大熊猫还要稀少。

为什么想要保护野骆驼？刘少创说，这缘于他见野骆驼的第一面。

2011 年的 10 月，刘少创在甘肃省安南坝保护区第一次看到了野骆驼。“当得知那些庞然大物都是野骆驼而不是人为圈养的骆驼时我很激动，原来野骆驼是真的，不是传说。”他说。

“我当时犯了和很多人一样的错误，以为家养骆驼跑到野外去就成了野骆驼。”他笑道，“所以我算是从零开始学起。”他被这一物种深深吸引，在了解到它们濒临灭绝后，决定尽己所能伸出援手。

不接触不知道，原来野骆驼保护并不容易，因为它们的栖息地面积达 20 万平方公里，不仅活动范围大，而且生性警觉，常出没于无人区的荒漠戈壁。关于它们的准确数量、迁徙路线、生活习性，人们所知甚少。当时追踪野骆驼完全依赖人类观察，线索只有蹄印、卧迹和粪便。

偏偏刘少创是一位热衷于探险的科学家。早在 20 多年前，他就参加过极地科考，曾经两次到达北极点。后来，他因科学研究课题涉及确定大江大河的源头和长度，更是走遍世界各地。因此，保护野骆驼面临的重重困难，反倒激发了他的“斗志”。

追踪野骆驼的日子

刘少创具有摄影测量与遥感专业背景。彼时，他和团队负责“祝融号”火星车、“玉兔”月球车的导航定位及制图系统的研制，于是想到把导航定位技术用于野骆驼追踪。

当时既没成立项目也没经费，但他说干就干。2012 年 5 月，在当地动物管理局的协助下，刘少创给野骆驼安装了中国境内第一个跟踪器。

“野骆驼一定不喜欢戴上跟踪器，但这不会对它们的生活造成太大影响。”刘少创说，跟踪器小于 1 千克，搭载的电池寿命为 3 年，之后跟踪器会自动脱落。

这是一种常见的动物学观察方法，但用于野骆驼这个行踪不定的物种身上还是第一次。刘少创介绍，装备跟踪器可以更好地采集数据，通过数据了解野骆驼的习性和生活规律。同时，跟踪器所采集的数据还可结合其他遥感信息，用于研究野骆驼的栖息环境质量，例如植被覆盖、水源分布和人类活动的影响等。

截至目前，刘少创和团队已为大漠深处不同群的 26 峰野骆驼安装了跟踪器，并利用跟踪数据建立了覆盖中国和蒙古野骆驼分布区的生境适宜度模型。

追踪野骆驼的日子，有苦也有甜。但刘少创最不想面对的是野骆驼“减员”。

“我跟踪的第一峰野骆驼被狼咬死了。”对此，刘少创感到十分遗憾，“我发现跟踪数据不更新了，过去一看才发现它被狼给咬死了。”

“这是我们能看到的，可能还有很多没看到的。”刘少创告诉《中国科学报》，在他看来，保护野骆驼，当务之急有两件事要做，一是限制人类活动(非法穿越和非法采矿等)的影响，二是控制狼的数量。

而要做好这两件事，最基础的准备仍是做好追踪工作。通过跟踪数据，人们才能逐渐了解它们的迁徙路线、生活环境和面临的潜在威胁。只有掌握了这些信息，才能制订更详尽的计划，比如在哪里营建水源保护地、如何改进保护措施等。

“下大力气保护它们是值得的”

经过持续的观察和监测，刘少创等人发现了一些不寻常的变化。

他们注意到，野骆驼的活动范围确实很大，有的群体每天能走几十甚至上百公里，但随着气候变化和人类活动影响的加剧，野骆驼的活动区域正在缩小，中蒙境内的野骆驼分别有向海拔较高的阿尔金山地区和较寒冷高纬度地区移动的迹象。

“这意味着它们可能会面临更多危险。”刘少创说，如今野骆驼的生存状况令人担忧，如不立即采取有效保护措施，这群“精灵”有可能会在 30 至 50 年内灭绝。

针对野骆驼的保护，我国已在新疆和甘肃两地建立了新疆罗布泊和甘肃安南坝野骆驼国家级自然保护区。保护区的建立为野骆驼提供了安全的栖息地，减少了人类活动对其生存环境的干扰。

在此基础上，刘少创建议扩大新疆、甘肃等地的野骆驼保护区面积，在此基础上建立范围广、保护力度强的野骆驼国家公园。

同时，刘少创注意到，中蒙边界架设了许多铁丝网，这导致中蒙之间野骆驼自由迁徙的通道被切断了。他呼吁，成立一个跨中蒙两国的自然保护区，给野骆驼种群及其他野生动物创造更多的生存空间。

在刘少创眼里，深入大漠算不上什么，但保护野骆驼终归是件“烧钱”的事，不仅跟踪器、数据的传输通信分析等需要投入，寻找野骆驼所需的车辆、向导、麻醉师、麻醉药等都得花钱。这方面的科研经费和项目跟不上他们追踪的脚步，时间一长免不了要自筹经费。

所幸，劳力士雄才伟略大奖获得者将获得 20 万瑞士法郎(约合 164 万元人民币)的科研资金支持。有了这笔钱，刘少创内心宽慰不少，“这些钱足够做 40 个卫星追踪器了”。

尽管经费时常捉襟见肘，但在他看来下大力气保护野骆驼是值得的。

首先，野骆驼是荒漠地带的旗舰物种，因此保护野骆驼就是保护整个生态系统。其次，野骆驼身上有许多神秘之处，例如它们生活在曾经的原子弹试验场，却不会得癌症；尽管更喜欢淡水，但受环境所限饮用高浓度盐水却鲜少受心血管、高血压疾病等的困扰。已有相关研究发现，它们独特的生理机制或许能为人类治疗肿瘤、糖尿病、心血管疾病提供借鉴。同时，野骆驼如何在体内脱去咸水中的盐分，也是一个值得研究的课题。

“我们现在对野骆驼的研究还很少，我相信，经过深入研究，一定会有许多对人类有益的发现。”刘少创说。

在“大美南极”挖科学宝藏

■本报记者 王敏 通讯员 林伊

金图企鹅。 受访者供图

日前，中国第 40 次南极科学考察队圆满完成考察任务并返回国内，“雪龙 2”号、“雪龙”号分别停靠香港、青岛并向公众开放。

年初，中国科学技术大学(以下简称中国科大)博士生吴旭东和刘鸿伟，分别完成中国第 40 次南极长城站考察与第七次中国－智利联合南极考察任务。近日，他们向《中国科学报》分享了科考队员眼中的“大美南极”。

数不清的科学宝藏

在世界尽头，冰川、雪山、鲸鱼、企鹅……那些之前从实验室师兄、师姐口中得知的南极风光尽在吴旭东和刘鸿伟眼前。对于他们而言，奇妙壮观的极地世界蕴藏着数不清的科学宝藏。

在这次南极科考中，吴旭东和刘鸿伟兵分两路，分头执行导师——中国科大教授谢周清主持的国家自然科学基金重点项目“全新世南极企鹅盛衰与栖息地变化及其对大气海洋变化的响应”的考察工作。

吴旭东作为中国第 40 次南极长城站科考队队员，以长城站为据点完成大气、海水、生物粪土沉积柱样品采集工作。

“此次考察，我主要研究历史时期的气候变化对企鹅种群生态的影响。”吴旭东介绍，“如果想了解企鹅栖息地的种群数量变化，只靠近几十年的观测资料是不够的，我们需要了解过去几千年来其数量动态变化情况，以及历史时期企鹅或者海豹对气候环境变化的响应。从过去了解现在，从过去预测未来。”

吴旭东说，金图企鹅是目前南极阿德雷岛上数量最多的企鹅，约有 5000 对。其他种的企鹅如阿德利企鹅数量非常少，约 300 对。但在 20 年前，岛上阿德利企鹅的数量最多。因为南极半岛的快速升温，导致阿德利企鹅向南极半岛更南端迁移，而更适应温暖气候的金图企鹅在这里快速繁殖。

“我和吴旭东师兄在南极的考察和采样互为补充。”刘鸿伟透露，作为第七次中国－智利联合南极科考队队员，他乘坐智利的贝坦索斯科考船，在南极半岛附近区域开展采样工作。“我们会采集沿途的大气颗粒物样品和海水样品。然后，乘坐橡皮艇登陆约 19 个考察点完成沉积柱样品采集。”

充满不确定性的探索

南极素有“世界风极”之称。“南极大部分时候都是雾蒙蒙的阴天，没有预想中的冷，但风实在太大了。”吴旭东和刘鸿伟每天外出采样时，必须穿上特制的保暖服，佩戴护目镜。

狂风使海况变得恶劣，这给采样工作增添了很多不确定性。对于随船作业的刘鸿伟来说，遇到海况不好时，之前规划的考察点就不得不放弃。他依稀记得由于风力过大，采样时耳边传来队长担心的催促声。

“工作时间最短的时候只能在一个岛上停留两个小时。”刘鸿伟说，他需要一登岛就马上寻找合适的采样点，使用 PVC 管完成沉积柱采集。

采样的不确定性还来自陌生的环境。“长城站以南一带我们之前没有去过，而这次到了南纬 65 度附近。”刘鸿伟说，“有时候一天需要去五六个考察点，时间很紧张，有些考察点之前没有相关文献和材料可以提前预判情况，到了现场才发现没有企鹅。这些都给采样工作带来了挑战。”

南极的危险有时就像隐藏在海面之下的冰山一样。“我们采样的区域还是比较安全的，但在严禁进入的冰盖区，表面上是皑皑白雪，但实际上一脚踩空便会掉入冰裂缝中。”吴旭东说，“考察站对安全方面要求非常严格，出野外前一天要向站长提交书面申请。出去必须携带对讲机，绝对不允许一个人出野外，而且超过 3 个人必须携带卫星电话。”

野外是一所全新的“大学”

回味南极科考，吴旭东兴奋地表示，“野外是一所全新的‘大学’，南极野外的每一面，都蕴含着丰富的科学知识。”

在南极，经常会听见远处有打雷般的声音传来，再加上雾蒙蒙的灰暗天空，以及海面倒映出的层层蓝色冰川，许多人会把这样的所见所感描述为“梦核感”与“建模感”。但在科考队员眼里，轰隆的打雷声实际上是冰盖崩塌发出的声音，是南极浮冰形成的自然过程。层层冰川并不粗糙，相反，“它们具有鲜活的生命力”。

“乘着橡皮艇出野外时，我可以近距离地观察到冰川的细节与纹理，包括冰盖上的许多小企鹅。实际上，冰盖漂浮的过程中会随着融化过程释放许多淡水，同时带来许多营养物质吸引磷虾聚集，随之吸引企鹅捕食磷虾。这是冰川带来的生命力。”吴旭东说。

离开南极的那天，霞光璀璨。“那是南极在我临走前的特别馈赠。”吴旭东说，“南极有着非常好看的风景，是让我筋疲力尽也要坚持探索的地方。它有单纯可爱的小动物，也有数不清的科学宝藏；有最真诚的朋友，也有万籁无声的空旷。”

吴旭东和刘鸿伟都表示，如果有机会再去南极，希望能带更多便携式仪器以及一些大型仪器，从而获取更多更丰富、更宝贵的现场数据。

发现·进展

中国农业科学院深圳农业基因组研究所

发布首个对叶榕完整基因组

对叶榕果实。
中国农业科学院深圳农业基因组研究所供图

本报讯(记者李晨 通讯员马昕怡)中国农业科学院深圳农业基因组研究所农业基因组学技术研发与应用创新团队，发布了首个榕属植物对叶榕端粒到端粒完整基因组，修正了原有基因组中存在的大量间隙和组装错误，大幅提升了对叶榕基因组的连续性、完整性和准确性。相关研究成果近日发表于《园艺研究》。

榕树是桑科榕属 800 多种植物的统称，广泛分布于热带和亚热带地区。榕属植物包含 6 个亚属，其中有 2 个雌雄同株亚属和 4 个功能雌雄异株为主的亚属。对叶榕属于聚果榕亚属，是一种非常典型的功能雌雄异株植物。

由于叶片通常呈对生排列，即两片叶子对称地生长在枝条的相对位置上，所以这种榕树取名为对叶榕。解析对叶榕基因组对生物学性状解析和基因功能研究至关重要，然而，原有基因组中存在大量的信息缺失和组装错误，阻碍了进一步研究。

为此，研究团队综合利用多种测序技术，在原有基因组基础上重新组装、完善，发布了首个榕属植物对叶榕端粒到端粒完整基因组。该基因组大小 371.8 兆，所有序列均挂载到 14 条染色体上，成功注释了 26642 个编码蛋白基因。

经评估，基因组完整度达到 98.7%，并且基因组的连续性和准确性均得到了大幅提升。在此基础上，研究进一步构建了雄性和雌性花不同发育时期的基因调控网络，并鉴定得到了雄花发育的关键基因，为研究榕属植物重要特征和性别决定提供了重要资源。

相关论文信息：
https://doi.org/10.1093/hr/uhad257

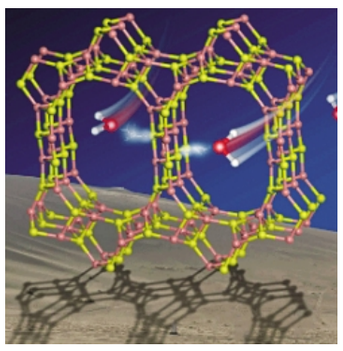
中国科学院大连化学物理研究所

合成稳定的超大孔磷铝分子筛

本报讯(见习记者孙丹宁)中国科学院大连化学物理研究所郭鹏研究员、刘中民院士团队基于对分子筛结构与合成的理解，使用商业化模板剂合成了一种稳定的全新超大孔磷铝分子筛 DNL-11，并利用三维电子衍射技术直接解析出 DNL-11 的晶体结构。相关研究成果近日发表于《美国化学会志》。

磷铝分子筛是由磷氧四面体和铝氧四面体共氧顶点相互连接组成，并具有规则孔道或者笼状结构的磷铝酸盐材料。这类材料不仅是磷酸硅铝分子筛和金属磷酸铝分子筛进一步研究的基础，也是重要的催化剂载体和吸附剂。磷铝分子筛的性能与其晶体结构密切相关。通常，分子筛晶体尺寸属于亚微米甚至纳米级别，传统 X- 射线单晶衍射法难以进行精确的结构分析，这在一定程度上限制了分子筛的发展。

为此，研究人员通过先进表征手段，了解了已知分子筛中结构导向剂的作用机制，并应用于分子筛的设计合成过程。团队通过使用商业化结构导向剂，合成了一种全新拓扑结构的分子筛——DNL-11。他们利用三维电子衍射技术与 PXRD 精修技术对 DNL-11 进行结构解析与精修，直接确定了 DNL-11 的晶体结构，以及结构导向剂的落位。



DNL-11 分子筛示意图。
中国科学院大连化学物理研究所供图

研究发现，DNL-11 拥有一维的 16 元环超大孔道，其中结构导向剂以两列交叉的形式排列，并通过 π-π 堆积作用力进行超分子组装。其所有结构导向剂均质子化，并与骨架上的氧原子发生相互作用。

此外，团队还证明 DNL-11 能够在高达 1000℃的温度下保持结构稳定，并且在极低湿度环境(湿度 =5%)中展现出良好的水吸附性能。

相关论文信息：
https://doi.org/10.1021/jacs.4c01393

中国科学院武汉病毒研究所等

揭示东非蝙蝠与啮齿动物多种新型病毒

本报讯(记者刁雯蕙)中国科学院武汉病毒研究所、深圳华大生命科学研究院与澳大利亚昆士兰大学等单位研究人员组成的联合研究团队，在东非国家肯尼亚和乌干达，对 959 只蝙蝠和 372 只啮齿动物进行了大规模的病毒组调查。基于华大智造 T 系列测序平台，研究团队通过宏转录组测序揭示了这些野生动物中的病毒多样性以及重组和跨地域传播特征。相关研究成果近日发表于《微生物组》。

研究团队共鉴定出 251 种与蝙蝠或啮齿动物感染相关的 RNA 或 DNA 病毒，其中 87%为新病毒，揭示了东非地区病毒高度的多样性和独特性。他们在埃及果蝠中发现了与人类二型副流感和人类软疣病毒相近缘的病毒。这些发现不仅对理解此类病毒的起源有重要意义，也为研究其传播机制提供了关键线索。

一般而言，病毒需要有较高的基因组多样性，才能保证其在入侵不同宿主的细胞时有足够的适应能力。

研究显示，在蝙蝠和啮齿动物中，负责入侵宿主细胞的冠状病毒刺突蛋白和圆环病毒衣壳蛋白呈现出高度的多样性，且病毒与病毒之间发生了频繁的基因组重组，这可能解释了为何这些病毒能够在多种宿主间切换。

研究人员进一步分析揭示了病毒群落中频繁发生的重复突变、病毒种内不同基因型的共感染，以及地域间的病毒流动，这些因素共同催化形成了多样的自然病毒群落，为了解病毒如何在不同生态系统中传播提供了重要信息。

据了解，该研究依托于全球病原数据库计划。该计划旨在从基因组层面检测和发现动物中可能感染人类的病原，在 2026 年底前，支持各科研团队共同获取至少 5 万份动物来源样本的病原基因组数据，鉴定新的人畜共患病原，识别病原分布热点和预测潜在的跨物种事件。

相关论文信息：
https://doi.org/10.1186/s40168-024-01782-4

社址：北京市海淀区中关村南一条乙 3 号 邮政编码：100190 新闻热线：010－62580699 广告发行：010－62580707 传真：010－62580899 广告经营许可证：京海工商广登字 20170236 号 零售价：1.00 元 年价：218 元 工人日报社印刷厂印刷 印厂地址：北京市东城区安德路甲 61号