中国科学报

CHINA SCIENCE DAILY

中国科学院主管　中国科学报社出版　国内统一连续出版物号 CN 11－0084　代号 1－82

扫二维码 看科学报　扫二维码 看科学网

主办：中国科学院　中国工程院　国家自然科学基金委员会　中国科学技术协会

总第 8024 期　2022 年 5 月 25 日　星期三　今日 4 版

新浪微博 http://weibo.com/kexuebao　　科学网 www.sciencenet.cn

国务院办公厅印发《新污染物治理行动方案》

据新华社电 国务院办公厅日前印发《新污染物治理行动方案》（以下简称《方案》），对新污染物治理工作进行全面部署。

有毒有害化学物质的生产和使用是新污染物的主要来源。目前，国内外广泛关注的新污染物主要包括国际公约管控的持久性有机污染物、内分泌干扰物、抗生素等。

《方案》明确，到 2025 年，完成高关注、高产（用）量的化学物质环境风险筛查，完成一批化学物质环境风险评估，对重点管控新污染物实施禁止、限制、限排等环境风险管控措施；新污染物治理能力明显增强。

《方案》部署了六个方面的行动举措。一是加强法律法规制度和技术标准体系建设，建立新污染物治理跨部门协调机制，按照国家统筹、省负总责、市县落实的原则，全面落实新污染物治理属地责任，建立健全新污染物治理体系。二是开展调查监测，评估新污染物环境风险状况，动态发布重点管控新污染物清单。三是全面落实新化学物质环境管理登记制度，严格实施淘汰或限用措施，加强产品中重点管控新污染物含量控制，严格源头管控，防范新污染物产生。四是加强清洁生产和绿色制造，规范抗生素类药品使用管理，强化农药使用管理，强化过程控制，减少新污染物排放。五是加强新污染物多环境介质协同治理，强化含特定新污染物废物的收集利用处置，深化末端治理，降低新污染物环境风险。六是加大科技支撑力度，加强基础能力建设，夯实新污染物治理基础。

挖掘菌群『社交网』 揪出疾病『黑手』

新算法基于互作网络识别疾病标记物

■本报记者 韩扬眉

百年前，诺贝尔生理学或医学奖获得者梅契尼科夫曾指出：肠道健康的人身体才健康。然而，复杂的肠道菌群究竟如何影响人体的疾病与健康？

近年来，关于肠道菌群与人体健康和疾病关系的研究越发丰富，尤其是随着测序技术、基因组研究等的发展，大量研究为该领域积累了海量的生物数据信息。如何从海量零散的数据中，挖掘出与人类健康和疾病紧密相关的信息，成为肠道菌群领域关注的首要问题。

5 月 23 日，《自然—计算科学》在线刊发了中国科学院北京生命科学研究院研究员赵方庆团队的最新研究成果。该研究首次提出基于微生物互作网络的新算法 NetMoss，实现高效整合大规模菌群数据以及精准识别疾病标记物。

“难测”的肠道菌群

肠道菌群是一个庞大家族，根据科学家目前掌握的数据，肠道菌群包含 500 至 1000 种不同的细菌，基因总数是人类的 100 多倍。

它们构成复杂，“成长环境”千差万别。“肠道菌群的种类、丰度，以及基因表达阵列各有不同，且它们更容易受饮食、地域等各种因素的影响，因此，不同人群之间肠道菌群组成可能存在很大差异。”论文第一作者、中国科学院北京生命科学研究院博士生肖力文告诉《中国科学报》。

肠道菌群的“喜怒哀乐”可能影响着人体的方方面面。已有研究表明，肠道生态系统不仅通过菌群交互直接影响着呼吸道、生殖道等，还通过免疫因子、代谢物和神经递质间接影响着人体健康。

为了摸清肠道菌群的影响和作用，科学家试图找到它们与体内其他器官的某些关联，比如肠—脑轴、肠—肝轴和肠—肾轴等，由此发现了一些与疾病发生密切相关的微生物标记物。

“微生物标记物是一种标记特定疾病的关键微生物，它们在健康人群与患病人群中的‘表现’有一定差异，使用稳定的微生物标记物可以更好地实现特定疾病的预防和治疗。”肖力文说。

不过，目前基于菌群丰度整合数据并进行生物标记物挖掘的方法存在偏差，此外，微生物丰度矩阵过于稀疏，常规计算方法也很难基于稀疏矩阵对不同批次的丰度进行校正。

更值得关注的是，就微生物标记物的种类和作用而言，不同研究得出的结论差异很大。因此，如何从来自不同人体的大数据中挖掘并解读复杂菌群的内在规律，仍是当前面临的一大挑战。

从互作中寻找规律

为解决上述问题，研究团队开发了一种高效的数据整合和生物标记物挖掘计算模型。

该模型最特别之处在于，其不是基于微生物丰度，而是基于生态互作网络实现的。

肖力文介绍，之所以考虑微生物生态互作，是因为肠道中的微生物并不是独立存在发挥作用的，它们往往需要彼此协同合作，共同完成某一生命活动。通过构建微生物互作网络，可以很好地保留每一个子数据集最原始的生物互作信息，通过进一步整合，人们就可以基于更庞大的数据进行生物标记物的挖掘。

研究团队收集整理了 11377 例包括疾病与健康对照的肠道菌群测序样本，覆盖 78 项研究、37 种疾病、13 个国家或地区。针对这些来自不同人群的多种数据集，他们提出基于互作网络的新算法 NetMoss，开发了一种高效的数据整合和生物标记物挖掘计算模型进行数据分析。

研究发现，NetMoss 基于庞大的微生物互作网络，其对于不同健康状态下环境对人体的扰动更加敏感，可以挖掘出一些丰度尚未发生显著改变，但在生态互作网络中已被扰动的重要微生物类群。此外，其对疾病标记物的识别效率高于其他方法。

“将这一方法应用到包含多种疾病的网络分析中，我们惊奇地发现，大部分疾病标记物并不只导致一种疾病的发生，而是与多种疾病存在显著关联，这些相似的菌群失调现象可能为不同疾病的共性致病机理提供重要线索。”肖力文表示。

“整体”认识我们的生命

这一研究进一步验证了肠道内的微生物是一个系统互作、紧密连接的整体。

肖力文说，传统观念认为，患病人群的肠道菌群之间存在很大差异。而这项研究表明，即使是结构不同的肠道菌群，也存在着相似的共性：一批相同的细菌在生态互作网络中占据着关键位置，它们彼此间连接关系的改变，最终导致了多种疾病的发生。

在该研究中，让研究人员感触最深的是，这种“整体”的概念适用于所有的生物学研究。

赵方庆告诉《中国科学报》，人体是一个有机整体，不能孤立地看待任何一种生命现象。相同的细菌可能在不同疾病的发生发展过程中扮演着不同角色，它们在人体代谢网络中的位置或功能的小小改变，影响的不是某一个组织或器官，而是整个生命系统。

“不仅肠道微生物如此，人体内的基因、蛋白质亦是如此，各种生命分子彼此协作，才构成我们精妙的人体。”赵方庆说。

论文审稿人认为，基于微生物的生态互作关系来整合不同数据集的方法十分合理且精妙，有助于基础研究在临床上的转化与应用。

未来，研究团队将继续开发优化计算方法，并在疾病标记物的预测中整合更多的人群特异性信息，助力精准医疗发展。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s43588-022-00247-8

不符合预期的数据绝不能随便删除

■王德华

科学是以数据说话的，任何科学结论都需要数据支持。数据不严谨，会产生不严谨的结论，甚至是错误荒唐的结论。这对社会的影响是极大的，尤其是涉及国计民生问题时，错误的数据很可能会导致错误的决策，进而造成巨大的损失。所以，实验科学无论怎样强调数据都不为过。

最近，我和学生们在组会上又聊到了数据取舍的问题。我的研究生刚刚获得了一个实验的部分数据，需要统计处理组与对照组的差异，但统计后他发现，有一组数据标准差太大，统计结果是“差异不显著”。

我们的实验研究需要检验处理组和对照组之间的差异，或不同因素处理的效应，在这一过程中，令研究人员最头疼的问题就是实验结果与预期不一致，本该有差异显著性的数据，却检测不到差异显著性，概率值大于 0.05。在我们平时的科研工作中，这种情况很常见。

在讨论的时候，我跟他说：“如果个别数据偏离了整个样本的变化趋势，要特别重视，首先分析自己的实验过程是否有问题、样品是否有问题等。不符合预期的数据是绝对不能随便删除的，可以在分析数据的散点图和标准差后，决定是重复一次实验，还是增加样本数。”

数据取舍，是我们组会上经常讨论的问题。我一般会跟我的学生说，出现个别偏离的数据，要认真分析是不是这个样本有问题，并结合这个样本的其他参数予以考虑。比方说，如果同一个动物实验中，多个参数都出现了问题，就要考虑可能是动物样本的问题；如果仅是某个参数不符合预期，可以分析测定过程是否出了问题。但基本原则是，不能随便删除数据。

面对个别偏离的数据时，我们的处理方法一般有以下三种。第一，再重复测定一次；第二，如果问题依然存在，又不好解释，按照数据散点图，将偏离平均值范围太大的数据在散点图上标记出来，统计分析时，说明这个数据没有被统计进来；第三，根据统计学中判断奇异值的方法，进行个别数据取舍。

有时我们会发现，统计结果是由个别数据引起的，如果去掉偏离平均值范围大的数据，差异显著性就出来了。这时，有些研究人员就会产生一种取舍数据的冲动，想删除这个不理想数据。但这是很危险的，因为随便取舍数据，或根据自己的需要取舍数据、选择性使用数据，就触碰到了学术不端的红线。

我认为，研究人员产生数据不当取舍行为的一个直接原因是功利化心态、浮躁心态。例如，研究生有毕业发表论文的需要，年轻学者有晋升和申请各种名誉奖项的需要等。如果没有正确对待科学的心态，没有对待科学数据严谨的态度，而是论文至上，再加上没有强有力的监督机制和惩罚措施，出问题是不奇怪的。

为避免不当的数据取舍，应该对实验的原始记录给予高度重视。我们实验室每周都有组会，大家有数据就会在组会上讨论。研究生和导师交流时，也要提供原始数据。

在我以前工作的中国科学院动物研究所，我负责研究生教育工作多年，研究所学位委员会制定了导师检查研究生实验记录的制度，每学期都要进行检查，记录本上有导师的签字。导师检查学生实验记录，也是研究生中期考核、申请学位论文答辩的一个重要条件。研究所为此专门定做了实验记录本，每页都有页码，不能随便撕掉。实施效果还是不错的。

总之，做实验要尊重原始数据，严肃认真，认真对待每一个数据，认真对待科研和实验过程的每一个步骤，认真做好实验记录。不可以更改数据，不可以选择性地取舍实验数据！

（作者系山东大学生命科学学院特聘教授，本文由本报记者倪思洁采访整理）

防微杜渐　培育优良学风

轻超核“寿命”迄今最精确测量结果发布

本报讯（见习记者王敏）中国科学技术大学物理学院近代物理系教授张一飞课题组与美国劳伦斯伯克利国家实验室、布鲁克海文国家实验室等单位合作，实现了轻超核（超氚核与超氢—4 核）寿命目前最精确的测量。研究成果日前发表于《物理评论快报》。

“最新测量结果显示，轻超核寿命比自由 Lambda 重子寿命要短约 20%，说明超子—核子束缚得很弱，其相互作用可能有新的物理机制。”张一飞解释说。

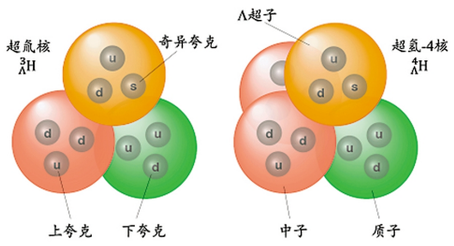
普通物质由核子，即中子和质子组成，只含有上下夸克。而某些“奇特”的原子核内部还有超子，是含有奇异数的重子。核子与超子之间如何通过相互作用形成束缚态，一直是核物理领域的前沿基本问题。这种相互作用的强弱决定了超核寿命的长短，因此测量超核寿命是研究其相互作用最直接有效的方法。

理论上认为超核是弱束缚系统，只能通过弱相互作用衰变，因此轻超核的寿命应接近自由 Lambda 重子的寿命。

布鲁克海文国家实验室的相对论重离子对撞机上的 STAR 实验，在低能区产生的核物质系统有较高的重子密度，有利于产生超核，为科学家研究超核提供了绝佳场所。

在此次研究中，研究团队通过质心能量 3GeV 和 7.2GeV 的重离子打靶实验，测量了超氚核与超氢—4 核两种轻超核寿命，得到了目前最为精确的实验结果。同时还首次测量了 3GeV 下两种轻超核的产额。

轻超核寿命究竟有多长？“大概是一眨眼的时间的十亿分之一。”张一飞说，这个时间看似很“短”，但是假设超核以接近光速的速度飞行，这个时间足够让它在探测器中走约 6 厘米，足以让科研人员在实验上进行精确测量。



超氚核与超氢—4 核的结构组成示意图

图片来源：中国科学技术大学

审稿人认为，“这些测量解决了长期困扰人们的超氚核寿命之谜，测量的产额也为尚未理解的轻超核形成机制提供了有用的实验依据。”

相关论文信息：

https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.128.202301

科研人员在纳米尺度芯片上观测到显著拓扑彩虹效应

本报讯（记者朱汉斌）近日，暨南大学光子技术研究院研究员丁伟团队和北京理工大学教授路翠翠团队、北京大学教授胡小永团队合作，在片上拓扑彩虹器件研究中取得重要进展，首次在纳米尺度的芯片上观测到显著的拓扑彩虹效应。相关研究发表于《自然—通讯》。

以光子为信息载体的微纳全光器件在光通信、光信息处理、光计算等领域有重要应用。拓扑光子态由于受拓扑数守恒保护，与传统光子态相比具有鲁棒性和抗干扰的优点。频率作为光的自由度，是传输信息的基本载体，多频率光传输是实现大数据信息处理的基础。为了实现这一目标，可以利用光子晶体合成维度构建出片上多频率拓扑态微纳器件。这类“拓扑彩虹器件”在受到结构缩放、随机误差、材料缺陷或杂质干扰时，只要光子晶体带隙不闭合，器件性能就不会受影响。

然而，在纳米尺度实现片上集成拓扑彩虹器件面临很大挑战。一方面，光场分辨率需要极大地突破衍射极限（达到几十纳米量级）才能表征光通信波段光子晶体单个晶格内的电场分布；另一方面，在同一芯片上制备光子晶体结构、传输波导、耦合结构、激发端的过程十分复杂。

在研究工作中，科研人员利用自主开发的散射式近场光学显微镜，对合成维度光子晶体拓扑彩虹纳米器件的表面电场给出了直接表征。每个光子晶格的电场分布清晰可见，不同频率下的拓扑态电场最大值出现在不同的晶格位置，在纳米尺度芯片上实验检验了显著的拓扑彩虹效应，和仿真计算结果一致。

散射式近场光学表征技术具有两个显著优点：一是样品形貌和光学信号能同步测量，可以直接提供光子晶体不同位置处的电场振幅信号；二是使用的原子力显微镜探针针尖小于 20 纳米，能够深入单个光子晶体空气孔中，并且提供极高的空间分辨率。此外，采用波导端面耦合方式提高激发效率，用同一根光纤收集样品表面近场反射信号，可以同时具有高收集效率和低背景噪声的优势。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41467-022-30276-w

5 月 24 日，一架无人机将核酸样本运送至杭州市余杭区核酸检测实验室所在地。

近日，为提高核酸检测样本运送效率，杭州市余杭区通过采用某企业开发的“小黄蜂”无人机作为“配送员”运送核酸检测样本，大幅提高了 15 分钟“采样圈”的核酸样本运送效率。

据了解，6 架“小黄蜂”无人机将以往每小时一次的核酸样本配送频率提升至 2~3 分钟一次，可满足中转站周边每天 10 万人次核酸检测产生的配送需求。同时将参与配送的人员数量从 4 个减少至 1 个，降低了配送人员交叉感染的风险。

图片来源：人民视觉

澳大利亚将“强硬”应对气候变化

寰球眼

本报讯 虽然选票仍在统计之中，但澳大利亚工党党首安东尼·阿尔巴内塞 5 月 23 日已宣誓就任该国新总理。

十多年来，澳大利亚大选首次没有就气候变化应对政策展开激烈辩论。但对选民而言，应对全球变暖的行动显然是一个关键问题。在 5 月 21 日举行的澳大利亚 2022 年联邦议会选举中，选民的投票让自由党和国家党执政联盟败选，使工党获胜。据《自然》网站报道，澳大利亚研究人员谨慎乐观地认为，相比上任政府，新政府将采取更强有力的行动减少温室气体排放。

悉尼大学海洋地球科学家 Jody Webster 表示，对于那些推动澳大利亚采取“强硬”举措应对气候变化的人来说，这一结果是“成效显著的”，并“突显了气候和环境问题上的政治格局面临重大转变”。选举前的民意调查显示，气候变化是大多数选民最关心的问题。

莫纳什大学天体物理学家 Michael Brown 说：“上届政府的政策常常与气候变化科学相悖，希望新政府能改变这种状况。”

在胜选演讲中，阿尔巴内塞承诺将结束困扰该国政治十多年的“气候战争”。他表示，澳大利亚有机会成为“可再生能源超级大国”。工党承诺到 2030 年将碳排放在 2005 年的基础上减少 43%，并将可再生能源发电比例从 2021 年的 31%提高到 2030 年的 82%。

澳大利亚国立大学环境经济学家 Frank Jotzo 说：“澳大利亚深受气候变化的影响——从干旱、火灾到洪水。但多年来，关于气候变化影响和适应的研究一直处于匮乏状态。”

研究人员希望新政府为基础科学提供更多支持。Webster 认为，新政府将“更加开放地支持纯粹的而不仅仅是以应用为重点的研究，同时会减少对主要拨款程序的干预”。

工党承诺将模仿英国的模式建立一个议会科学办公室，为议会提供独立的科学建议；将公共和私人研发支出提高到 GDP 的近 3%，同时扭转目前研发投入下降的趋势。

工党还承诺建立澳大利亚疾病控制中心，并加强对大流行病的防备。墨尔本大学儿科医生和传染病学家 Fiona Russell 说，澳大利亚的卫生研究资金“严重不足”，“我们必须加大科研投入”。

（文乐乐）