

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

【物理评论 A】
研究揭示量子内能局部定义约束

巴西圣保罗大学 Frederico Brio 团队研究了量子内能局部定义的约束情况。相关研究成果 10 月 13 日发表于《物理评论 A》。

研究探讨了开放量子系统内能的通用定义,并对其可能的性质进行了约束。研究人员认为,要将这样的定义视为有条件的,只能使用局部资源,即开放系统的约化密度算子 ρ 及其时间导数来确定。最简单的结构是一个泛函 $U(\rho, \dot{\rho})$ 。然而,研究人员通过两个量子比特处于纯联合状态发现,如果要普遍恢复全局公认的内能,函数关系就不能那么简单。在没有进一步的假设或近似方案的情况下,该研究探讨了一个说明性的反例,并讨论了一般约束的可能性。

量子热力学的最新研究进展主要集中在更基本的系统上,接近单个量子比特极限的环境开始起作用,这些环境具有关联性、强耦合和远离平衡特性。在这种情况下,显然需要重新审视基本物理量,以确保对量子系统的准确描述和理解。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1103/PhysRevA.108.042209>

科学家提出啁啾分数受激理论

美国史蒂文斯理工学院 Svetlana Malinovsky 团队等提出啁啾分数受激拉曼绝热理论。相关研究成果 10 月 13 日发表于《物理评论 A》。

在这项研究中,研究人员提出一种使用频率啁啾脉冲(CFSTIRAP),建立了分数受激拉曼绝热理论(FSTIRAP)。他们分析了 CFSTIRAP 在双光子失谐情况下生成相干叠加态的能力,这种方法能够最大程度提高初始态和目标态之间的相干性。研究人员证明了脉冲啁啾可以使 FSTIRAP 在所需的双光子共振条件下实现绝热通过。

通过选择合适的啁啾率 $|\alpha| = |\delta| / (tp - ts)$, 他们发现在双光子失谐和啁啾率的广泛范围内,可以在两种最终状态之间实现绝热通道达到预定状态。这一方案将扩大量子控制方法的应用范围,并有助于进一步改进量子成像、传感和计量技术。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1103/PhysRevA.108.043710>

【自然】

全烷基化硅烷的
卤代脱烷基反应

德国柏林工业大学 Martin Oestreich 团队介绍了一种芳基离子催化的全烷基化硅烷的卤代脱烷基反应。相关论文成果 10 月 11 日发表于《自然》。

研究团队介绍了一种芳基离子催化的卤代脱烷基反应,能将 Me₃Si 和相关的季硅烷有效转化为各种功能化衍生物。

该反应以烷基卤化物和芳烃溶剂为主体,烷基卤化物是卤源,最终与芳烃发生付-克烷基化反应,使催化剂再生。

这种自上而下的卤代脱烷基方法具有独特优势,例如有助于含硅药物前体的合成过程。此外,与烷基链相连的较为惰性的 Me₃Si 基团的化学选择性氯去甲基化,以及随后的氧化降解,被证明是进入 Tamao-Fleming 醇合成的一个入口。

有机硅不存在于自然界,但现代化学很难想象没有硅与碳结合的情况。虽然从“直接工艺”中产生的含硅商品化学品成分看起来很简单,但选择性制备芳基取代和烷基取代功能化的硅化合物并非易事。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06646-9>

全球宏基因组学
揭示功能性暗物质

希腊基础生物医学研究所副教授 Georgios Pavlopoulos 等通过全球宏基因组学揭示了功能性暗物质。相关研究成果 10 月 11 日发表于《自然》。

研究人员开发了一种计算方法,从宏基因组的序列空间生成无参考蛋白家族。他们分析了 26931 个宏基因组,鉴定出 11.7 亿个长度超过 35 个氨基酸的蛋白质序列,与来自 102491 个参考基因组或 Pfam 数据库的任何序列没有相似性。

使用大规模并行图基聚类技术,研究人员将这些蛋白质分组到 106198 个超过 100 个成员的新序列中,这比利用相同方法从参考基因组聚类得到的蛋白质家族数量翻了一番。

研究人员根据它们的分类、栖息地、地理和基因邻近分布对其进行了注释,在序列多样性充足的情况下预测了蛋白质的三维模型,并揭示了新的结构。

总的来说,这些结果揭示了一个极其多样化的功能空间,并突出了进一步探索微生物功能暗物质的重要性。

宏基因组编码了多种多样的蛋白质,反映出多种功能和活性。对这一巨大序列空间的探索来自对参考微生物基因组和这些基因组的蛋白质家族的比较分析。

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06583-7>

迄今最小粒子加速器问世

可放进笔尖,将电子加速到每秒 10 万公里

本报讯 日前,德国科学家制造出一个长度仅为 0.2 毫米的粒子加速器,这是迄今为止同类设备中最小的,甚至可以装在笔尖里。它是第一个能够产生快速且聚焦良好的电子束的微型加速器,可以将电子加速到每秒 10 万公里,有望应用于医学领域。相关研究成果 10 月 18 日发表于《自然》。

大型强子对撞机或医疗设施中用于治疗癌症的粒子加速器,大多利用电场和磁铁加速电子等粒子。这些电场通常由无线电产生,其波长以米或厘米为单位。德国埃朗根-纽伦堡大学的 Peter Hommelhoff 与合作者选择使用一种不同的电磁波“光”来加速粒子,这种电磁波的波长要短得多,只有几百纳米。这使得

他们能够将加速器的尺寸从几公里宽缩小到不足 1 毫米。

为了制造它,研究人员使用了数千根两微米高的硅柱,并将它们排列成两条平行线,每条线长 0.2 毫米。为了运行加速器,研究人员从上方将激光照射到这条柱状“跑道”上,同时从侧面注入电子。来自激光的光波与柱体相互作用产生电磁场,从而使电子聚集在一起形成狭窄的光束。这些粒子团能够以每秒 10 万公里的速度加速穿过该结构。

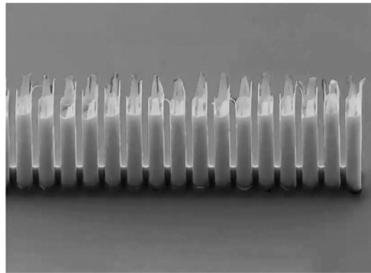
研究人员尝试在“跑道”上增加更多柱体。当他们制造出一个 0.5 毫米长的版本时,发现可以用更快的速度加速电子,使其携带的能量增加 43%。Hommelhoff 说,这表明加速器是可以扩

展的,能够在保持足够小的同时变得更强大,也可以集成在芯片上,甚至直接集成在光纤末端。

美国加州大学洛杉矶分校的 Pietro Musumeci 说,之前虽然已经制造了一些微型加速器,但这是第一个不仅可以加速电子,还可以将其限制在相对狭窄的光束中用于科学实验的设备。

目前,这种新设备只能为电子提供相当于大型加速器百分之一的能量。但 Hommelhoff 说,可能有办法提高每个电子的能量。他认为用一种名为熔融二氧化硅的玻璃材料制作这些柱体应该会有帮助,因为它可以承受更强的激光。

Hommelhoff 说,科学家在 20 世纪 60 年代首次提出使用光来缩小加速器,但当时工程上



微小粒子加速器。

图片来源: Tomás Chlouba/Roy Shiloh

的挑战使其难以实施。

“我们最终可以缩小加速器,甚至将它们放进笔尖,这有望为医生提供新的治疗工具或为生物实验室提供小型消毒工具。”Hommelhoff 说。

(李木子)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1038/s41586-023-06602-7>

■ 科学此刻 ■

别抛硬币了
反正也不准

如果你抛硬币,得到正面或反面的概率是相等的 50%——虽然统计学教科书会这样告诉你,但越来越多的证据表明,在现实世界中,这并不正确。

2007 年,研究人员提出一个理论,当硬币翻转时,人的拇指会让它轻微摆动,最终导致硬币的一面有 51% 的可能性朝上。

现在,荷兰阿姆斯特丹大学的 Frantisek Bartos 和另外 49 人组成的团队对这一理论进行了迄今为止最有力的测试。他招募了几十位朋友和同事,参加了一场马拉松式的抛硬币比赛。

“当你和朋友坐在一个房间里,听音乐、聊天,有些人一起看电影,有些人一起抛硬币 12 个小时,它实际上比想象的要愉快得多。”Bartos 说。

研究小组将 46 种不同货币和面额的硬币抛掷了 350757 次,并记录了硬币翻转前后的状态。这些发现支持了最初的研究:硬币很可能在 50.8% 的时间里落在开始时的那一面。近日,相关成果公布于论文预印本网站 arXiv。

至关重要,研究小组发现个体间存在巨大差异。其中一个人使硬币落在开始的那一



图片来源: Image Source Trading Ltd/Shutterstock

面的概率是 60.1%,而另一个人则只有 48.7%。研究人员说,不同的人抛硬币时会产生不同的离轴旋转,导致硬币摇晃,从而产生更大的同侧偏差。

未参与这项研究的英国布里斯托尔大学教授 Márton Balázs 说,从概率的角度来看,抛硬币是一个抽象的概念,但实际上抛硬币是一个“复杂的生理和心理过程”。

“理想的硬币是一种抽象概念,现实生活中没有理想的硬币。”Balázs 说,“这是一个复杂的过程,所以存在偏差。尽管这种偏差似乎相对较

小,只有几个百分点,但它依然存在。”

Balázs 说,任何寻找真正随机结果的人都应该避免使用抛硬币法,但即使使用计算机也不会真正随机,因为它无法在没有重复模式的情况下生成随机结果。他说,任何寻找真正随机结果的人都必须依赖于对混沌系统的采样。

尽管研究结果表明抛硬币有一定的偏差,但 Bartos 说,只要双方没有看到硬币的起始状态,它仍然可用于日常决策。

(文乐乐)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.48550/arXiv.2310.04153>

早上打盹儿不会让你更困



图片来源: RoxiRosita/Getty Images

本报讯 长期以来,科学家一直想知道早上闹铃响后再打个盹儿,是否会影响清醒程度和睡眠质量。相关研究成果 10 月 17 日发表于《睡眠研究杂志》。

■ 环球科技参考 ■

中国科学院成都文献情报中心

美国成立国家生物学理论与数学研究所

美国国家科学基金会与西蒙斯基金会耗资 5000 万美元合作成立了国家生物学理论与数学研究所。该研究所由美国西北大学与芝加哥大学共同领导,将进行至少 5 年的跨学科研究。

该研究所的总体目标是通过创建新的数学理论、数据信息模型以及计算和统计工具,揭示支配生命的基本原理。该研究所将瞄准具有前景和挑战性的探索领域:生物体如何学习和适应变化、基因和分子信号的作用、如何从单细胞产生完整的个体、如何由大脑神经网络产生生物行为等。

该研究所将成为几个州的数学和生物学家之间的合作纽带,通过创造新数据和新方法来解决生物问题,从而建立一个国家级的研究人员社区。研究所的关键职能还包括教育推广和人才培养,将为 300 多名本科生和研究生以及 100 多名早期职业博士后提供培训和指导。

英国科学家开发快速低成本检测技术

英国帝国理工学院和牛津纳米技术公司的科研人员开发出一种快速、低成本和高度多路复用的检测技术,可同时对分析 40 多种不同类型的生物标志物。

为此,瑞典斯德哥尔摩大学 Tina Sundelin 团队邀请了 31 名每周至少打两次盹儿的受试者,让他们在睡眠实验室中度过了两个晚上。

第一个晚上,他们可以像平常一样按时上床睡觉,将闹钟设置在正常起床时间,并按时起床,不能打盹儿。

大约一周后,受试者再次回到实验室接受测试。他们将闹钟设置为起床时间的半小时前,并每隔 9 到 10 分钟按下闹铃的“稍后提醒”键,再睡一会儿。

醒来后,他们立即接受了唾液测试,测量体内的荷尔蒙皮质醇水平。皮质醇水平越高,表明受试者越清醒。他们还用 1 到 9 分来评定自己的困倦程度,并分别在刚醒来时、醒来 40 分钟时测试了认知能力和情绪状况。

研究人员发现,早上打盹儿的参与者皮质醇水平略高,但在嗜睡、情绪或认知能力方面,打盹儿与立即醒来并没有区别。

总体而言,早上打盹儿的受试者平均少睡了 6 分钟。而且在睡眠的最后半小时,他们的脑电波显示出睡眠质量较差的迹象。但从整体看,两个晚上的睡眠质量并没有实质性差异。与直接起床相比,早上打盹儿并不会让人在白天更困、情绪更低落或认知能力更差。

睡眠监测设备公司 SleepImage 工作人员 Jeffrey Durmer 说,这项研究的参与者都是经常早上打盹儿的人,因此研究结果可能不适用于偶尔打盹儿的人。

此外,研究人员还对近 1500 人发放了睡眠习惯的调查问卷,其中 69% 的被调查者表示他们偶尔会早上打盹儿,尤其在工作日。另外,早上打盹儿者更多是女性,她们的平均年龄比不打盹儿者年轻 6 岁,并且自称是“夜猫子”的可能性是后者的 4 倍。

(孟凌霄)

相关论文信息:

<https://doi.org/10.1111/jsr.14054>

研究者从嗜热细菌中找到一种名为 As-Cas12f 的酶,后者是目前发现的最小巧的 Cas 酶之一,大小不到 Cas9 的 1/3。在前期测试中,它在人类细胞中几乎没有表现出任何基因组活性。

研究者利用一种被称为深度突变扫描的筛选方法,将 AsCas12f 的每个氨基酸残基替换成所有生命赖以生存的 20 种氨基酸,从而建立了一个潜在的新型候选库,确定了 200 多个可增强基因组编辑活性的突变。再结合 AsCas12f 的酶活性,研究者选择了一些可增强活性的氨基酸突变来改造 AsCas12f。与普通 AsCas12f 相比,这种改造后的 AsCas12f 具有 10 倍以上的基因组编辑活性,与常用的 Cas9 酶相当。研究者已经成功在小鼠身上完成了测试,未来有望对患者进行更有效的治疗。

研究人员发现了许多潜在有效的组合,可用于 AsCas12f 基因组编辑系统的改造。下一步,研究者打算采用计算建模或机器学习来筛选组合,并预测哪些组合能带来更好的改进。

美国建立大肠杆菌表达和调控知识库

美国加州大学圣迭戈分校 Bernhard Palsson 团队构建了一个自上而下的大肠杆菌表达和调控知识库,揭示了大肠杆菌转录组的规模,为大

肠杆菌基因转录组学研究奠定了基础,并为非模式生物的自上而下转录组分析提供了蓝图。

随着转录组数据的快速增长,如何从转录组数据中获取新知识显得尤为重要。此次,研究者提出了一个表达和调控关键模式生物——大肠杆菌 K-12 MG1655 的表达组件,名为 PRE-CISE-1K,这是一个包含 1035 个样本的高质量 RNA-seq 数据集,包括 38% 的大肠杆菌 K-12 高质量 RNA-seq 数据,并且覆盖了广泛的生长条件,包括 9 种培养基、39 种补充剂、42 种异源蛋白质和 76 个基因敲除。其中大部分数据来自该实验室在 2013 年至 2021 年间的研究成果。为了创建数据资源的调控组件,研究者还使用独立元素分析方法提取了 201 个独立调控基因组,占已知基因调控网络的 86%。

研究描述了大肠杆菌全基因组表达模式,阐明转录组特征和反应,识别两个可能的调控因子,鉴定两个调控模块的启动子序列,补充 1675 个高质量 K-12 样品数据并提取相似调控模块,提出利用已有数据进行系统转录组分析。

该数据资源有助于阐明大肠杆菌 K-12 转录组的细胞生物学和系统生物学基础,还可以用于进行新的实验设计,并为大肠杆菌以及其他生物体调控信息的抽取提供蓝图。

(吴晓燕编译)

更多内容详见科学网小柯机器人频道:

<http://paper.sciencenet.cn/Alnews/>