编辑 / 赵路、王兆昱 校对 / 何工劳、唐晓华 Tel:(010)62580617 E-mail:news@stimes.cn

“小柯”秀

一个会写科学新闻的机器人

《物理评论 A》

科学家实现超图态纠缠纯化

德国锡根大学 Lina Vandré 等人实现了超图态的纠缠纯化。相关研究 12 月 14 日发表于《物理评论 A》。

研究人员提出了超图态纯化的优化协议，超图态是多量子比特态的一个系列，从多个角度来看都与之相关。研究人员用图形语言重新表述了现有的纯化协议，提出了 3 个改进方向，这样就可以进行系统优化。首先，可以根据各方的排序优化协议序列。其次，可以使用自适应方案，即利用在协议中获得的测量结果来修改协议。最后，可以在效率方面改进协议，减少达到特定目标状态所需的噪声状态副本。

据悉，纠缠纯化描述了量子信息处理中的一种原始方法，即通过局部运算和经典通信，将几份嘈杂的量子态提炼成几份高质量的近似纯态。特别是在多粒子情况下，纠缠纯化的任务非常复杂，因为存在许多不等价的纯态纠缠形式，需要针对不同的目标态定制纯化协议。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1103/PhysRevA.108.062417

《光：科学与应用》

基于生成式 AI 的活体器官相位荧光图像转换

美国马萨诸塞州总医院的 Nima Saeidi 小组利用相位荧光图像转换，实现了基于生成式人工智能(AI)的活体器官相位荧光图像转换。相关研究 12 月 14 日发表于《光：科学与应用》。

研究人员开发了一个名为 PhaseFIT(相位荧光图像转换)的虚拟绘画系统，该系统利用定制的形态丰富的 2.5D 肠道有机体，通过可访问的低成本有机体相位图像生成虚拟荧光图像，用于表型量化。驱动该系统的是一个新颖的、基于分割的深度生成模型，该模型实现了从相位对比到多通道荧光图像的无注释数字转换。通过生成细粒度的视觉内容，PhaseFIT 在细胞核、分泌细胞标记物和干细胞的虚拟绘画方面优于现有的基于深度学习的染色转换模型。

研究人员进一步验证了 PhaseFIT 在量化 3 种化合物对隐窝形成、细胞数量和细胞干性的影响方面的效率和准确性。PhaseFIT 是首个专注于活体器官的深度学习虚拟绘画系统，可实现大规模、信息丰富、高效的器官表型量化。PhaseFIT 将使有机体应用于高通量药物筛选。

据悉，类器官模型为研究器官发育和功能的基本生物学过程提供了强大的平台。然而，尽管基于图像的有机体表型量化具有潜力，但为其复杂的三维结构以及免疫荧光染色耗时耗力的特性带来了巨大挑战。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41377-023-01296-y

《科学》

石墨烯中列维子的发射和相干控制

法国巴黎萨克雷大学 P. Roulleau 等人实现了石墨烯中列维子的发射和相干控制。相关研究 12 月 15 日发表于《科学》。

研究人员设计了按需注入单个电子飞行量子比特态及其在布洛赫球上的操纵。飞行的量子比特是在高迁移率单层石墨烯的量子霍尔边缘通道中传播的列维子。虽然要可行地操纵飞行量子比特仍需要单次量子比特读出和双量子比特操作，但在单电子水平上对巡回电子态进行相干操纵是一种极有前途的传统量子比特替代方法。

据悉，飞行量子比特以传播模式而非静止离散状态编码量子信息。虽然已经有了光子飞行量子位，但光子之间微弱的相互作用限制了条件量子门的效率。相反，电子飞行量子位可以利用库仑相互作用，但传统半导体中较弱的量子相干性阻碍了它们的实现。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1126/science.adf9887

微生物群多样性通过阻断营养抵御病原体

英国牛津大学 Kevin R. Foster 等人发现，微生物群多样性通过阻断营养来抵御病原体。相关研究 12 月 15 日发表于《科学》。

研究人员揭示了人类肠道细菌如何在体外和悉生小鼠体内影响两种主要细菌病原体的定植。单个物种的影响可以忽略不计，而随着群落多样性的增加，定植抵抗力也大大提高。此外，这种群落级的抗性关键取决于某些物种的存在。研究人员通过抗性群落消耗营养物质的集体能力来解释这些生态模式，这些营养物质与病原体使用的营养物质相重叠。

此外，研究人员还利用这些发现成功预测了抵抗新型目标菌株的群落。这项工作揭示了微生物群落多样性有益的原因，并为合理设计抗病原体群落提供了途径。

据悉，人类肠道微生物群在抵御病原体对宿主的定植方面发挥着重要作用，但人们缺乏预测哪些群落具有保护作用的能力。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1126/science.adj3502

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

每 5 天发表 1 篇论文

“高产作者”数量激增让人担忧

本报讯 与近 10 年前相比，每年发表 60 多篇论文的研究人员数量已经增加了 4 倍。近日公布在 bioRxiv 的一项研究显示，过去几年，这些科学家的数量在沙特阿拉伯和泰国急剧增加。这些“极具生产力”的作者的增加引起了人们的担忧——一些研究人员正在采取疑似造假的方法发表更多的论文。

“我怀疑一些疑似造假的研究实践和欺诈是一些极端行为的基础。”美国斯坦福大学元科学专家 John Ioannidis 表示，“我们的数据为跨学科讨论这些问题提供了一个起点。”

Ioannidis 团队研究了 2000 年至 2022 年间 Scopus 数据库收录的文章、评论和会议论文。他们跟踪了不同国家和领域中，极度高产作者的身份随时间变化的情况，其中排除了通常会发表大量论文的物理学领域作者，因为该领域作者的署名做法与其他学科不同。

总体而言，除物理学外，最高产的作者都集中在临床医学领域，2022 年，该领域有近 700 名“高产作者”。此外，农业、渔业和林业领域的“高产作者”人数增长最快，2016 年至 2022 年间增长了 14.6 倍，其次是生物学、数学和统计学领域。

研究显示，仅在 2022 年，就有 1266 名非物理学作者平均每 5 天(包括周末)就发表 1 篇论文，这一数字在 2016 年为 387。Ioannidis 表示，此前的一项分析显示，“高产作者”数量从 2014 年开始趋于平稳，因此，2016 年以来的加速增长令人惊讶。

2016 年至 2022 年间，大多数国家的“高产作者”数量增加了 1 倍以上，有些国家的增幅更大。泰国在 2016 年只有 1 位“高产作者”，2022 年却增加到 19 位，是所有国家中相对增幅最大的。而沙特阿拉伯的绝对数量增长最大，在同一时期，“高产作者”从 6 人增加到 69 人。

负责制定研究政策和标准的泰国朱拉隆功大学学术与研究诚信办公室成员 Tirayut Vilaivan 指出，泰国每年只有几位“高产作者”，但近几年数量大增的趋势令人担忧。

泰国苏兰拉里理工大学化学家 David Harding 说，这种现象至少部分是由该国的研究资助体系推动的，该体系已经转向支持大型跨学科团队，而不是小型团队，这使得研究人员更容易在更多的论文上署名。

Vilaivan 说，另一个促成因素可能是泰国对大学排名的关注，后者是由论文发表数量和指标支撑的。他补充说，泰国许多大学用现金鼓励研究人员在著名期刊发表文章。如果研究人员方法得当，他们每年仅通过发表论文就能收入 100 万泰铢(2.8 万美元)。

Vilaivan 补充说，研究与物质奖励挂钩的模式也为不正当行为提供了条件。新冠疫情期间，向研究人员非法出售假论文的“论文工厂”便在泰国出现了。

目前，泰国正在调查那些发表了大量可疑论文的研究人员。今年 1 月，泰国高等教育、科学、研究和创新部对发表论文记录异常或发表多篇非专业论文的研究人员进行了调查。调查发现，8 所大学的 33 名研究人员通过付费获得了署名权，还有数十人涉嫌在购买的论文上署名。

图片来源：Lauren DeCicca/Getty

Ioannidis 认为，为了阻止“高产作者”不断增加的趋势，研究和资助机构应该关注研究人员的工作质量，而不是他们发表论文的数量，这将防止科学家“偷工减料”。 （辛雨）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1101/2023.11.23.568476

■ 科学此刻 ■

白天压力大 晚上睡不好

压力会让人们经常在夜间醒来，而在小鼠体内发现的大脑通路或许可以解释其中的原因。如果人类也存在类似途径，可能会找到提高睡眠质量的新方法。相关研究 12 月 13 日发表于《当代生物学》。

虽然从睡眠中短暂醒来是正常的，但压力会增加这种觉醒。这些瞬间的觉醒非常短暂，持续时间不到 20 秒，以至于人们很少记得。然而，这种觉醒却与一系列问题有关，包括白天疲劳、认知能力受损和情绪不佳。

为了解压力为什么会使睡眠碎片化，美国宾夕法尼亚大学的 Shinjae Chung 和同事分析了熟睡小鼠的大脑活动。首先，他们记录了 21 只小鼠睡眠时下丘脑视前区神经元的活动，这是一个对调节睡眠至关重要的脑区。他们发现，在短暂的苏醒过程中，该区域唯一活跃的神经元是那些含有囊泡谷氨酸转运体 2(VGLUT2)蛋白质的神经元。

随后，研究人员将这些小鼠与具有攻击性的小鼠关在一起，以提高它们的压力水平。之后，研究人员发现这些神经元的活动增加了，这与小鼠更频繁地醒来相对应。

最后，研究人员利用光遗传学技术抑制了 13 只受到压力的小鼠体内的 VGLUT2 神经元。与没有关闭神经元的 14 只小鼠相比，它们的短暂觉醒平均减少了 1/3。

这些发现表明，压力会激活下丘脑视前区的 VGLUT2 神经元，从而扰乱睡眠。

美国约翰斯·霍普金斯大学的 Alban Latremoliere 说：“尽管人类的睡眠与小鼠这样的啮齿动物略有不同，但在更深层次上，我们有一些共同的特性，短暂觉醒就是其中之一。”他说，了解这些短暂觉醒发生的原因，尤其是对压力的反应，可以帮助我们提高睡眠质量。

然而，由于这项研究只评估了社会压力，因此还不清楚其他压力事件是否也会影响这一途径。此外，灭活这些神经元是否会产生负面影响也有待观察。 （王兆昱）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.11.035

压力会影响人们夜间醒来的次数。 图片来源：Tero Vesalainen/Alamy

“爱早起”基因可能源自尼安德特人

据新华社电 美国科学家日前发表在英国《基因组生物学与进化》杂志上的一项研究显示，从尼安德特人祖先那里继承的遗传物质可能导致了当今一些人早起的倾向。

研究人员指出，从尼安德特人祖先继承下来的 DNA 可能导致某些人成为“晨型人”，即拥有早睡早起的生物钟类型。这种生物钟能让这部分人感觉更舒服。

虽然现代人类通过古代杂交获得的大部分基因已被进化“抹掉”，但很小一部分仍留存了下来，这很可能是因为它们帮助早期现代人类离开非洲移居欧亚大陆时适应了新环境。

现代欧亚大陆人类的祖先大约在 7 万年前从非洲迁徙到欧亚大陆，遇到了尼安德特人，后者已经适应了高纬度地区寒冷气候的生活。由于不同群体之间的杂交，今天的人类携带着高达 4%的尼安德特人 DNA，包括与肤色、头发、脂肪和免疫力相关的基因。

利用人工智能方法，研究人员重点关注了 28 个有关昼夜节律的基因，其中包含有可能改变古代人类基因剪接的变体，以及 16 个可能在现代人类和尼安德特人之间存在差异调节的昼夜节律基因。

机器学习也许能“算命”

本报讯 12 月 19 日，《自然－计算科学》发表的一项研究描述了一种机器学习方法，能够从不同方面准确预测人类生活，包括早死可能性和个性的细微差异。该模型或许能提供对人类行为的量化认知。

丹麦技术大学的 Sune Lehmann 和同事利用丹麦一个国家登记处约 600 万人的教育、健康、收入、职业和其他生活事件数据，设计了一个机器学习方法，用来构建个体的人类生活轨迹。作者通过调整语言处理技术，用类似模型中语言的方式表示人类生活。这种方法能以类似语言模型捕捉词语间复杂关系的方式生成一个生活事件的术语表。

研究人员提出的模型名为 life2vec，能确定健康相关诊断、居住地、收入水平等概念之间的复杂关系，并用一个压缩向量编码个人生活，以此作为预测生活结局的基础。他们证明，该模型预测早死率和捕捉细微个性差异的能力超过了当下先进的模型和基线标准，其表现至少提升 11%。其中早死率是指 35 岁至 65 岁的个体自 2016 年 1 月 1 日起存活 4 年的概率。

研究结果表明，通过表征社会结局和健康结局之间的复杂关联，准确预测生活结局也许是可以做到的。 （赵熙熙）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s43588-023-00573-5

科学家解析“神奇蘑菇”基因组

本报讯 科学家收集了几十种“神奇蘑菇”的基因组数据，以了解驯化和培养是如何改变这些生物的，从而培育出新品种蘑菇。相关研究近日发表于《当代生物学》。

裸盖菇又被称为“神奇蘑菇”，由于被人类驯化，其商业品种缺乏遗传多样性。而澳大利亚自然蘑菇种群保持了更丰富的多样性，包括控制蘑菇活性成分裸盖菇素生产的独特基因变异。

“令人惊讶的是一些‘神奇蘑菇’品种的极端纯合性。除了控制有性繁殖的基因外，一些品种几乎没有任何多样性。”澳大利亚昆士兰大学的 Alistair McTaggart 说，其背后原因尚不清楚。

据悉，对这些蘑菇的研究是由一个对“神奇蘑菇”感兴趣的群体推动的。在没有资金支持的情况下，他们收集了研究使用的蘑菇品种和分离株，并自费发送样本。最终，研究人员对 100 多个“神奇蘑菇”的 DNA 数据进行了测序和组装。

课题组对来自澳大利亚的 38 个蘑菇分离株的基因组进行了测序，并将它们与 86 个市售品种进行比较，以了解这些蘑菇是否为外来物种，以及驯化如何改变那些商业用途蘑菇。分析表明，澳大利亚的蘑菇是归化的，在最初被引入该国后，已经恢复到足够大的种群规模，以保持遗传多样性。相比之下，商业品种在其基因组中严重缺乏多样性。研究表明，澳大利亚蘑菇一些独特的基因变异可能会引起裸盖菇素和相关化合物合成的差异。

McTaggart 说，了解在控制裸盖菇素生产的基因上获得的交配兼容性和多样性数据将促进“蘑菇设计”育种，在这种蘑菇中，裸盖菇素等位基因的杂合性可能会解锁迷幻色胺生产的多样性。其初创公司 Funky Fungus 已开始将这些发现转化为开发蘑菇新品种。

研究者表示，这些进展或对裸盖菇素作为一种天然化合物的使用具有重要意义，对治疗精神疾病有潜在的好处。“‘神奇蘑菇’是最便宜的裸盖菇素来源，可能会填补天然药物开发的空白。”McTaggart 说。 （冯维维）

相关论文信息：

http://doi.org/10.1016/j.cub.2023.10.059

自然要览

（选自 *Nature* 杂志，2023 年 12 月 14 日出版）

可重构的莫尔纳米激光器阵列

研究人员提出并展示了基于扭曲光子石墨烯晶格中的光学平带的莫尔纳米激光器阵列，可以实现从单个纳米腔到可重构纳米腔阵列的相干纳米化。他们观察到同步纳米激光阵列在一系列不同的图案上表现出高度的空间和光谱相干性，具有一系列不同的图案，包括 P 形、K 形和 U 形，以及汉字“中”和“国”。

此外，研究人员获得了以空间变化的相对相位发射的纳米激光器阵列，从而能够操纵发射方向。这项工作为可重构有源器件的开发奠定了基础，这些器件在通信、激光雷达、光学计算和成像方面具有应用潜力。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-023-06789-9

对气候政策情景中的扩散进行全面归因

对气候政策情景中的扩散全面归因有助于决策者、利益相关者和科学家应对该领域的巨大不确定性。研究人员使用 Sobol 分解将这种分布归因于底层驱动因素，从而揭示了每个驱动因素对场景结果的重要性。

正如预期的那样，气候目标解释了温室气体排放、化石燃料总量和地区使用情况、可再生能源总量以及发电中碳捕获和储存总量的大部分分布情况。出乎意料的是，模式差异导致了大多数其他情景结果的变化，例如，个别可再生能源、碳捕获和储存技术以及需求地区的能源情况，反映了长期发展和可能的缓和策略范围的内在不确定性。

只有少数情景结果，如氢气的使用是由其他情景假设驱动的，这反映出对情景进行更多区分的必要性。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-023-06738-6

小鼠大脑的分子细胞结构

为了构建每个大脑结构中细胞类型的综合图谱，研究人员将高通量单核 RNA 测序与 Slide-seq——一种最近开发的具有近细胞分辨率的空间转录组学方法，在整个小鼠大脑中进行了配对。这些数据集的整合揭示了每个神经解剖结构的细胞类型组成。

研究人员发现中脑、后脑和下丘脑的细胞类型多样性非常高，大多数集群需要至少 3 个离散的基因表达标记的组合才能定义。利用这些数据，研究人员开发了一个以遗传方式访问每种细胞类型的框架，全面描述了神经肽和神经递质信号，阐明了活动调节基因表达的区域特异性，同时确定了神经和精神表型的遗传性富集。

这些数据可以作为在线资源，在神经科学领域有多种应用，包括构建新遗传工具和研究大脑疾病中特定细胞类型和电路的优先级。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-023-06818-7

多尺度应力分散增强橡胶抗疲劳性能

研究人员通过多尺度应力分散放大了颗粒增强橡胶的疲劳阈值。他们合成了一种高度纠缠的长聚合物与刚性颗粒紧密结合的橡胶。在裂纹尖端，应力分散在两个长度尺度上：首先通过聚合物，然后通过颗粒。这种橡胶的疲劳阈值约为 $1000 J/m^2$。

由这种橡胶制成的支架具备承受高载荷的能力，在重复操作中还能抵抗裂纹增长。多尺度应力集中扩展了材料性能的空间，为减少聚合物污染和建造高性能软机械打开了新思路。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-023-06782-2

一种可以控制肿瘤引起肾功能障碍的新抗利尿激素

通过使用果蝇的保守肿瘤模型，研究人员将离子运输肽亚型 F(ITP_F)鉴定为一种果蝇抗利尿激素，由 yki^{3SA} 肠道肿瘤细胞亚群分泌，会损害肾功能并导致严重的腹部腹胀和液体积聚。

从机理上，肿瘤来源的 ITP_F 靶向马氏管星状细胞中的 G 蛋白偶联受体 TkR99D，激活一氧化氮合酶－GMP 信号，抑制液体排泄。研究人员进一步揭示了哺乳动物神经激肽 3 受体(NK3R)的抗利尿功能，该受体是苍蝇 TkR99D 的同源物，通过药物阻断 NK3R 可有效缓解不同恶性肿瘤小鼠的肾小管功能障碍。

研究结果证明了一种新的抗利尿途径介导跨物种的肿瘤－肾脏交流，为与癌症相关肾功能障碍的治疗提供了可能性。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-023-06833-8

（李言编译）